

CONCLUSIONES

Extracción del DNA antiguo

Cuestiones metodológicas

- La procedencia de la muestra, en la que influyen factores como la antigüedad, tipo de suelo, temperatura media a lo largo del tiempo etc., produce diferencias significativas en la eficiencia de la recuperación del DNA. Estas diferencias parecen estar más relacionadas con la preservación del DNA que con los protocolos utilizados.
- El tipo de tejido del que se extrae el DNA tiene una influencia decisiva en la preservación y recuperación del DNA. Las piezas dentales presentan una mejor eficiencia que el tejido óseo, y dentro de las piezas dentales, los caninos, incisivos y premolares presentan una mejor eficiencia en comparación con los molares. Estas diferencias pueden estar relacionadas tanto con la preservación del DNA como con la eficiencia de los protocolos frente a distintos tipos de inhibidores.
- Utilizando la parte interna de las piezas dentales, se obtiene una buena eficiencia en la amplificación del DNA y se evita el riesgo de amplificar DNA exógeno proveniente de la manipulación de las piezas, por lo tanto no es necesario, ni recomendable, utilizar la pieza completa.
- La aplicación del paso del “almacenamiento frío” aumenta significativamente la eficiencia de la amplificación del DNA sin incrementar el riesgo de contaminación. Otros factores como el protocolo de extracción o la polimerasa utilizada sólo muestran pequeñas diferencias. Estos datos indican que la presencia de inhibidores es la principal causa de la disminución de la eficiencia en la recuperación del DNA preservado.

Criterios de autenticidad

- Las precauciones como la limpieza de las muestras, la separación de las áreas de trabajo y el uso de guantes y campanas de aire filtrado, no parecen ser suficientes para evitar la contaminación de las muestras; en tanto que el empleo de blancos de extracción y de amplificación tampoco son suficientes para la detección del DNA contaminante. Por estos motivos resulta imprescindible utilizar estrategias más exhaustivas para la detección del DNA contaminante, así como utilizar un conjunto de criterios más amplio para autenticar el DNA antiguo.
- La relación entre la eficiencia y el porcentaje de blancos contaminados es útil en la evaluación de la posibilidad de que los resultados obtenidos provengan de contaminaciones puntuales o se deban al efecto *carrier* y no a la recuperación de DNA auténtico.
- La correlación entre secuencia y haplogrupo es útil en la detección de contaminación por *carryover* y en la detección de posibles errores producidos por la DNA polimerasa. El porcentaje de muestras contaminadas detectado con este criterio, es un buen indicador del porcentaje de muestras contaminadas que pueden no haber sido detectadas.

-
- La fiabilidad de la correlación secuencia-haplogrupo como criterio de autenticidad está sujeta al grado en el que esta correlación se cumple. Es necesario caracterizar un número de muestras mayor mediante secuenciación y mediante enzimas de restricción para definir los límites de confianza.
 - Es posible evaluar la autenticidad del DNA antiguo mediante un conjunto de criterios que incluye la elección del tejido; el uso de blancos de extracción y de amplificación; el análisis de muestras procedentes de poblaciones control; el análisis de la relación eficiencia/contaminación; la correspondencia entre la secuencia y el haplogrupo tanto en el mismo extracto como en extractos independientes y el análisis de la variabilidad poblacional.
 - Este conjunto de criterios indica una muy alta probabilidad de que la muestra de DNA mitocondrial obtenida de la población de la Plaça Vella sea auténtica.

El “almacenamiento frío” y los inhibidores del PCR

- La acción del frío promueve la pérdida de solubilidad de las sustancias inhibitorias reduciendo su concentración en la muestra.
- Las sustancias inhibitorias parecen ser un conjunto de sustancias poliméricas polares que tienen un peso molecular mayor de 30,000 Da.
- El análisis espectrofotométrico favorece la hipótesis de que los ácidos húmicos son los responsables de la inhibición en muestras de DNA antiguo. No obstante, existen estudios que demuestran la existencia de sustancias inhibitorias que no provienen del suelo; por lo que la hipótesis de que el inhibidor sea un precursor de los ácidos húmicos producido *in situ*, es una alternativa plausible.
- La posibilidad de que los productos de la reacción Maillard sean los responsables de la inhibición no puede ser descartada con nuestros análisis. Sin embargo es necesario determinar experimentalmente si estas sustancias tienen un poder inhibitorio en el PCR.
- Los ácidos húmicos presentan un potente poder inhibitorio en el PCR y el almacenamiento de muestras a 4°C ha sido eficaz en la reducción de su efecto negativo. Tanto el poder inhibitorio de los ácidos húmicos como el efecto benéfico del “almacenamiento frío” son independientes del tipo de DNA amplificado y de la secuencia de los cebadores utilizados.
- Los límites del efecto benéfico del “almacenamiento frío” están definidos por la cantidad y calidad del DNA en la muestra, la optimización del protocolo de extracción utilizado y la concentración de las sustancias inhibitorias. Es muy probable que este método sólo sea efectivo en un determinado rango de concentración de inhibidores, pero el método puede ser optimizado diluyendo la muestra moderadamente con el fin de reducir la concentración de inhibidores sin reducir en exceso la concentración de DNA.

-
- La acción inhibitoria de estas sustancias durante el PCR podría involucrar la interacción de sus posiciones coordinantes con los cationes de magnesio que servirían como puentes de unión con el DNA, ya que en condiciones naturales el DNA puede unirse a los ácidos húmicos por mecanismos similares.

Análisis filogenético

Cuestiones metodológicas

- La distribución de los haplogrupos en la población proporciona información limitada para una reconstrucción filogenética. Lo más adecuado para la comparación de poblaciones en base a la frecuencia de haplogrupos es utilizar la prueba exacta de diferenciación poblacional.
- La distancia interpoblacional basada en la transformación del estadístico F_{ST} , obtenido mediante la corrección gamma de la distancia de Tamura-Nei, es un método adecuado para la reconstrucción filogenética de las poblaciones en base a sus secuencias de mtDNA.
- El contenido de información que existe en el fragmento de mtDNA de 302pb comprendido entre los nucleótidos 16069 y 16370 es prácticamente el mismo que el que contiene el fragmento de 360pb comprendido entre los nucleótidos 16024 y 16383.
- El fragmento de DNA mitocondrial de 153pb comprendido entre los nucleótidos 16210 y 16362 contiene relativamente mayor información a nivel de nucleótido que los fragmentos más grandes analizados en este trabajo. Contiene suficiente información para realizar un análisis filogenético, produciendo resultados similares a los obtenidos con segmentos más grandes, excepto en el caso de algunas poblaciones debido a una pérdida de la calidad de la información.
- Por otra parte, el fragmento de 153pb contiene menos información haplotípica y es insuficiente para el análisis de la distribución de las diferencias por parejas.
- La correlación entre secuencia y haplogrupo provee un criterio objetivo para la evaluación de los métodos de reconstrucción filogenética. Según este criterio, el método de la distancia de Tamura-Nei, con corrección gamma y construcción del árbol filogenético con el método de Neighbor-Joining es tan eficaz como la construcción de las redes medias reducidas.
- El parámetro a de la distribución gamma de la tasa de mutación, podría ser diferente para cada tamaño de segmento. Es necesario estimar este parámetro para cada segmento con el fin de obtener una mejor reconstrucción filogenética.
- En la reconstrucción filogenética de las relaciones entre haplotipos, el fragmento de 153pb resultó útil para analizar las secuencias de los haplogrupos T, V y X así como de los subgrupos U5 y J1a, pero las secuencias de los haplogrupos restantes tienden a perder

su diferenciación. En todo caso, contar con la caracterización de las muestras mediante enzimas de restricción ayuda a esclarecer las relaciones filogenéticas de las secuencias.

- El conocimiento previo del haplogrupo al que pertenecen las secuencias también es muy útil en la comparación de los haplotipos de distintas poblaciones. Permite reducir el ruido de fondo clasificando las secuencias y realizar una “disección” de la información al analizar los haplogrupos separadamente.

Análisis filogenético

- A pesar del origen común de las poblaciones europeas, es posible detectar cierta diferenciación de algunas poblaciones. Sobre la base de la proporción de haplogrupos, las poblaciones de Barbagia, Galicia y País Vasco son significativamente diferentes del resto de las poblaciones analizadas. Basándose en las secuencias de mtDNA, también se detectó una diferenciación importante de estas poblaciones así como de las poblaciones de Galura Cerdeña y Cataluña.
- La comparación de distintos índices de diversidad y de la distribución de las diferencias por parejas en las poblaciones europeas muestra características compatibles con una expansión poblacional en sentido este – oeste, tal y como han observado otros investigadores.
- El análisis por haplogrupos de las secuencias de las poblaciones, no muestra claramente signos de la expansión post-glacial Mesolítica en sentido sur – norte propuesta por algunos investigadores. Concretamente, la filogenia del haplogrupo T que por su antigüedad es muy probable que existiera en Europa antes del mesolítico, no presenta señales de esta expansión.
- La hipótesis de que algunos haplogrupos han aumentado su frecuencia en detrimento de otros, podría explicar las características encontradas en sus filogenias. Bajo esta hipótesis, los haplogrupos H, K y V habrían aumentado su frecuencia, los haplogrupos T, I, W y X la habrían disminuido y los haplogrupos J y U habrían mantenido una frecuencia más o menos constante.
- La edad de los haplogrupos y su entrada en Europa, no puede ser estimada de manera fiable si han sufrido cambios importantes en su frecuencia. Por lo tanto, es fundamental investigar si se han dado estos cambios, de preferencia mediante estudios de DNA antiguo en poblaciones pre-neolíticas.
- El análisis de las diferencias por parejas en la población actual Catalana, muestra signos de una expansión ocurrida en tiempos similares a la ocurrida en otras poblaciones europeas, presumiblemente durante el Paleolítico. No obstante, la forma de la distribución de las diferencias y el análisis de máxima verosimilitud, indican que la expansión tuvo características diferentes que podrían estar relacionadas con los procesos demográficos ocurridos durante y después del último glacial máximo, en el Mesolítico.
- Estos resultados junto con los obtenidos por otros investigadores justifican la necesidad de estudiar en más profundidad la población Catalana, analizando muestras tanto actuales como antiguas de distintas épocas.

-
- De acuerdo a la distribución de haplogrupos, la proporción de haplotipos distintos y la proporción de sitios variables, no existen diferencias significativas entre la población antigua y actual de Cataluña. La reconstrucción filogenética basada en las secuencias de la región de control corrobora este resultado mostrando a las dos poblaciones en una misma rama. Este último resultado es consecuencia de que comparten una proporción elevada de haplotipos mitocondriales.
 - Todos los análisis aquí realizados muestran que la población Catalana está más relacionada con otras poblaciones mediterráneas que con poblaciones ibéricas como las de Galicia y País Vasco. Estas relaciones son consecuencia tanto de la expansión primigenia que siguió la ruta del mediterráneo, como del reflujo genético ocurrido en tiempos históricos cuando la población Catalana expandió su dominio por el mediterráneo.

Consideración final

La caracterización del DNA de poblaciones Europeas antiguas mediante secuenciación y enzimas de restricción, utilizando criterios exhaustivos de autenticación, es el método más fiable para la resolución de las polémicas concernientes a los procesos demográficos ocurridos en Europa durante los períodos Paleolítico y Neolítico. Además, los estudios de este tipo pueden ser decisivos para calibrar la tasa de mutación del mtDNA y para evaluar la verdadera utilidad de esta molécula en el estudio de las poblaciones humanas.

BIBLIOGRAFÍA

-
- AKANE, A., S. SEKI, H. SHIONO, H. NAKAMURA, M. HASEGAWA, M. KAGAWA, K. MATSUBARA, Y. NAKAHORI, S. NAGAFUCHI y Y. NAKAGOME. 1992. Sex determination of forensic samples by dual PCR amplification of an X-Y homologous gene. *Forensic Science International*. **52**: 143-148.
- ALEGRET, S., J. ALIÓ, J.M. ALCANIZ y E. CASASSAS. 1988. Characterization of fulvic acids from soils from Catalonia. *Agrochimica XXXIII (1-2)*: 31-39.
- ALLARD, M.W., D. YOUNG y Y. HUYEN. 1995. Detecting dinosaur DNA. *Science*. **268**: 1192.
- ALLEN, J.F. 1996. Separate sexes and the mitochondrial theory of ageing. *J. Theor. Biol.* **180**: 135-140.
- ALVAREZ GARCÍA, A., I. MUÑOZ, C. PESTONI, M.V. LAREU, M.S. RODRÍGUEZ-CALVO y A. CARRACEDO. 1996. Effect of environmental factors on PCR-DNA analysis from dental pulp. *Int. J. Leg. Med.* **109**: 125-129.
- ALVAREZ, A.J., M. KHANNA, G.A. TORANZOS y G. STOTZKY. 1998. Amplification of DNA bound on clay minerals. *Mol. Ecology*. **7**: 775-778.
- AMICI, A. y F. ROLLO. 1992. PCR-SSCP characterization of *Mu* element components in a Hauri (10th century) maize sample. *Ancient DNA Newsletter*. **1 (1)**: 22-24.
- ANDERSON, S., A.T. BANKIER, B.G. BARRELL, M.H.L. BRUIJN, A.R. COULSON, J. DROUIN, I.C. EPERON, D.P. NIERLICH, B.A. ROE, F. SANGER, P.H. SCHREIER, A.J.H. SMITH, R. STADEN y I.G. YOUNG. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*. **290**: 457-464.
- ANDREWS, P. y D. PILBEAM. 1996. The nature of the evidence. *Nature*. **379**: 123-159.
- ANGLÉS, N., D. KIPÉLIO, R. MONTIEL, R.M^a. NOGUÉS, A. MALGOSA y M.P. ALUJA. 2000. Haplogrupos del mtDNA en una población de Kenia. En: *Investigaciones en biodiversidad humana*. T.A. Varela, Ed. Universidad de Santiago de Compostela, Santiago de Compostela. p. 669-679.
- ANKEL-SIMONS, F. y J.M. CUMMINS. 1996. Misconceptions about mitochondria and mammalian fertilization: implications for theories on human evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **93 (24)**: 13859-13863.
- ARNASON, U., A. GULLBERG, A. JANKE y X. XU. 1996. Pattern and timing of evolutionary divergences among hominoids based on analyses of complete mtDNAs. *J. Mol. Evol.* **43**: 650-661.
- ARNASON, U., A. GULLBERG y A. JANKE. 1998. Molecular timing of primate divergences as estimated by two nonprimate calibration points. *J. Mol. Evol.* **47 (6)**: 718-727.
- ASHLEY, M.V., P.J. LAIPIS y W.W. HAUSWIRTH. 1989. Rapid segregation of heteroplasmic bovine mitochondria. *Nucleic Acids Res.* **17 (18)**: 7325-7331.
- AUSTIN, J.J., A.B. SMITH y R.H. THOMAS. 1997a. Paleontology in a molecular world: the search for authentic ancient DNA. *Trends In Ecology And Evolution*. **12 (8)**: 303-306.
- AUSTIN, J.J., A.J. ROSS, A.B. SMITH, R.A. FORTNEY y R.H. THOMAS. 1997b. Problems of reproducibility: does geologically ancient DNA survive in amber-preserved insects? *Proc. R. Soc. Lond. B*. **264**: 467-474.
- AWADALLA, P., A. EYRE-WALKER y J. MAYNARD SMITH. 1999. Linkage disequilibrium and recombination in Hominid mitochondrial DNA. *Science*. **286**: 2524-2525.
- AYALA, F.J. 1995. The myth of Eve: molecular biology and human origins. *Science*. **270**: 1930-1936.
- BALLINGER, S.W., T.G. SCHURR, A. TORRONI y D.C. WALLACE. 1991. Southeast Asian mitochondrial DNA analysis reveals genetic continuity of ancient Mongoloid migrations. *Am. J. Hum. Genet.* **49**: 459.
- BALLINGER, S.W., T.G. SCHURR, A. TORRONI, Y.Y. GAN, J.A. HODGE, K. HASSAN, K.-H. CHEN y D.C. WALLACE. 1992. Southeast Asian mitochondrial DNA analysis reveals genetic continuity of ancient Mongoloid migrations. *Genetics*. **130**: 139-152.
- BANDEL, H.-J., P. FORSTER, B.C. SYKES y M.B. RICHARDS. 1995. Mitochondrial portraits of human populations using median networks. *Genetics*. **141**: 743-753.
- BANDEL, H.-J. y P. FORSTER. 1997. The myth of bumpy hunter-gatherer mismatch distributions. *Am. J. Hum. Genet.* **61**: 980-983.
- BENDALL, K.E., V.A. MACAULAY, J.R. BAKER y B.C. SYKES. 1996. Heteroplasmic point mutations in the human mtDNA control region. *Am. J. Hum. Genet.* **59**: 1276-1287.
- BERTRANPETIT, J. y L.L. CAVALLI-SFORZA. 1991. A genetic reconstruction of the history of the population of the Iberian Peninsula. *Ann. Hum. Genet.* **55**: 51-67.

-
- BERTRANPETIT, J., J. SALA, F. CALAFELL, P.A. UNDERHILL, P. MORAL y D. COMAS. 1995. Human mitochondrial DNA variation and the origin of Basques. *Ann. Hum. Genet.* **59**: 63-81.
- BOGENHAGEN, D.F. 1999. Repair of mtDNA in vertebrates. *Am. J. Hum. Genet.* **64**: 1276-1281.
- BONNEUIL, N. 1998. Population paths implied by the mean number of pairwise nucleotide differences among mitochondrial DNA sequences. *Ann. Hum. Genet.* **62 (Part 1)**: 61-73.
- BOOM, R., C.J.A. SOL, M.M.M. SALIMANS, C.L. JANSEN, P.M.E. WERTHEIM-van DILLEN y J. van der NOORDAA. 1990. Rapid and simple method for purification of nucleic acids. *Journal of Clinical Microbiology.* **28 (3)**: 495-503.
- BROWN, K. y T. BROWN. 1992a. Amount of human DNA in old bones. *Ancient DNA Newsletter.* **1 (1)**: 18-19.
- BROWN, K.A., K. O'DONOGHUE y T.A. BROWN. 1995. DNA in cremated bones from an early Bronze Age cemetery cairn. *International Journal of Osteoarchaeology.* **5**: 181-187.
- BROWN, M.D., S.H. HOSSEINI, A. TORRONI, H.-J. BANDELT, J.C. ALLEN, T.G. SCHURR, R. SCOZZARI, F. CRUCIANI y D.C. WALLACE. 1998. mtDNA haplogroup X: An ancient link between Europe/Western Asia and North America? *Am. J. Hum. Genet.* **63 (6)**: 1852-1861.
- BROWN, T.A. y K.A. BROWN. 1992b. Ancient DNA and the archaeologist. *Antiquity.* **66**: 10-23.
- BROWN, T.A., R.G. ALLABY, K.A. BROWN, K. O'DONOGHUE y R. SALLARES. 1994a. DNA in wheat seeds from European archaeological sites. *Experientia.* **50**: 571-575.
- BROWN, T.A. y K.A. BROWN. 1994b. Ancient DNA: using molecular biology to explore the past. *BioEssays.* **16 (10)**: 719-726.
- BROWN, W.M. 1980. Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **77**: 3605-3609.
- BROWN, W.M., M.JR. GEORGE y A.C. WILSON. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **76**: 1967-1971.
- BROWN, W.M., E.M. PRAGER, A. WANG y A.C. WILSON. 1982. Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution. *J. Mol. Evol.* **18**: 225-239.
- BÉRAUD-COLOMB, E., J.M. TIERCY y G. QUÉRAT. 1992. Human β thalasemia gene detected in 7000 year old fossil bones. 3rd International Congress on Human Paleontology (Abstract).
- BÉRAUD-COLOMB, E., R. ROUBIN, J. MARTIN, N. MAROC, A. GARDEISEN, G. TRABUCHET y M. GOOSSENS. 1995. Human β -Globin gene polymorphisms characterized in DNA extracted from ancient bones 12,000 years old. *Am. J. Hum. Genet.* **57**: 1267-1274.
- BÉRAUD-COLOMB, E., R. ROUBIN, J. MARTIN, N. MAROC, A. GARDEISEN, G. TRABUCHET y M. GOOSSENS. 1997. Reply to Cooper. *Am. J. Hum. Genet.* **60**: 1002-1003.
- CALAFELL, F. y J. BERTRANPETIT. 1994. Principal component analysis of gene frequencies and the origin of Basques. *Am. J. Phys. Anthropol.* **93**: 201-215.
- CANN, R.L., W. BROWN y A. WILSON. 1984. Polymorphic sites and the mechanism of evolution in human mitochondrial DNA. *Genetics.* **106**: 479-499.
- CANN, R.L., M. STONEKING y A.C. WILSON. 1987a. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature.* **325**: 31-35.
- CANN, R.L., M. STONEKING y A.C. WILSON. 1987b. Disputed African origin of human populations. *Nature.* **329**: 111-112.
- CANN, R.L. y A. WILSON. 1983. Length mutations in the human mitochondrial DNA. *Genetics.* **104**: 699-711.
- CANO, R.J. 1996. Analysing ancient DNA. *Endeavour* **20 (4)**: 162-167.
- CANO, R.J., H.N. POINAR, N.J. PIENIAZEK, A. ACRA y G.O.JR. POINAR. 1993. Amplification and sequencing of DNA from a 120-135 million-year-old weevil. *Nature.* **363**: 536-538.
- CARDÚS, S. 1981. Belleses i records del temple del Sant Esperit de Terrassa, segona edició facsímil. Terrassa.
- CARDÚS, S. 1984. Terrassa medieval. Visió històrica, edició facsímil. Terrassa
- CAVALLI-SFORZA, L. L. y A. W. F. EDWARDS. 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Evolution.* **32**: 550-570.
- CAVALLI-SFORZA, L.L., P. MENOZZI y A. PIAZZA. 1993. Demic expansions and human evolution. *Science.* **259**: 639-646.

-
- CAVALLI-SFORZA, L.L. y E. MINCH. 1997. Paleolithic and Neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am. J. Hum. Genet.* **61**: 247-251.
- CHANDLER, D.P., R.W. SCHRECKHISE, J.L. SMITH y H.JR. BOLTON. 1997. Electroelution to remove humic compounds from soil DNA and RNA extracts. *Journal of Microbiological Methods* **28**: 11-19.
- CHELLY, J., J.-C. KAPLAN, P. MAIRE, S. GAUTRON y A. KAHN. 1988. Transcription of the dystrophin gene in human muscle and non-muscle tissues. *Nature*. **333**: 858-860.
- CHEN, Y.S., A. TORRONI, L. EXCOFFIER, A.S. SANTACHIARA-BENERECETTI y D.C. WALLACE. 1995. Analysis of mtDNA variation in African populations reveals the most ancient of all human continent-specific haplogroups. *Am. J. Hum. Genet.* **57**: 133-149.
- CHERFAS, J. 1991. Ancient DNA: still busy after death. *Science*. **253**: 1354-1356.
- CHIKHI, L., G. DESTRO-BISOL, G. BERTORELLE, V. PASCALI y G. BARBUJANI. 1998. Clines of nuclear DNA markers suggest a largely Neolithic ancestry of the European gene pool. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **95 (15)**: 9053-9058.
- CHO, J.H., S.J. HA, L.R. KAO, T.L. MEGRAW y C.-B. CHAE. 1998. A novel DNA-binding protein bound to the mitochondrial inner membrane restores the null mutation of mitochondrial histone Abf2p in *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Cell. Biol.* **18 (10)**: 5712-5723.
- CHOU, Q., M. RUSSELL, D.E. BIRCH, J. RAYMOND y W. BLOCH. 1992. Prevention of pre-PCR mis-priming and primer dimerization improves low-copy-number amplifications. *Nucleic Acids Res.* **20 (7)**: 1717-1723.
- CIMINO, G.D., K. METCHETTE, S.T. ISAACS y Y.S. ZHU. 1990a. More false-positive problems. *Nature*. **345**: 773-774.
- CIMINO, G.D., K.C. METCHETTE, J.W. TESSMAN, J.E. HEARST y S.T. ISAACS. 1990b. Post-PCR sterilization: a method to control carryover contamination for the polymerase chain reaction. *Nucleic Acids Res.* **19 (1)**: 99-107.
- CIPOLLARO, M., G. DI BERNARDO, G. GALANO, U. GALDERISI, F. GUARINO, F. ANGELINI y A. CASCINO. 1998. Ancient DNA in human bone remains from Pompeii archaeological site. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. **247 (3)**: 901-904.
- CLARK, G.A. 1997. Neandertal genetics. *Science*. **277 (5329)**: 1024-1025.
- CLARK, J.M. 1988. Novel non-templated nucleotide addition reactions catalyzed by procaryotic and eucaryotic DNA polymerases. *Nucleic Acids Res.* **16 (20)**: 9677-9686.
- CLAYTON, D.A. 1982. Replication of animal mitochondrial DNA. *Cell*. **28**: 693-705.
- COLLURA, R.V. y C.-B. STEWART. 1995. Insertions and duplications of mtDNA in the nuclear genomes of Old World monkeys and hominoids. *Nature*. **378**: 485-489.
- COMAS, D., S. PÄÄBO y J. BERTRANPETIT. 1995. Heteroplasmy in the control region of human mitochondrial DNA. *Genome Res.* **5**: 89-90.
- COMAS, D., F. CALAFELL, E. MATEU, A. PÉREZ-LEZAUN y J. BERTRANPETIT. 1996. Geographic variation in human mitochondrial DNA control region sequence: the population history of Turkey and its relationship to the European populations. *Mol. Biol. Evol.* **13 (8)**: 1067-1077.
- COMAS, D., F. CALAFELL, E. MATEU, A. PÉREZ-LEZAUN, E. BOSCH y J. BERTRANPETIT. 1997. Mitochondrial DNA variation and the origin of the Europeans. *Human Genetics*. **99**: 443-449.
- COOK, M. 1993. Detection of DNA in ancient skeletal remains using DNA flow cytometry. *Biotech. Histochem.* **68 (5)**: 260-264.
- COOPER, A. 1992. Removal of colourings, inhibitors of PCR, and the carrier effect of PCR contamination from ancient DNA samples. *Ancient DNA Newsletter*. **1 (1)**: 31-32.
- COOPER, A. 1997. Reply to Stoneking: Ancient DNA - how do you really know when you have it? *Am. J. Hum. Genet.* **60**: 1001-1002.
- COOPER, A., C. MOURER-CHAUVIRÉ, G.K. CHAMBERS, A. von HAESELER, A.C. WILSON y S. PÄÄBO. 1992. Independent origins of New Zealand moas and kiwis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **89**: 8741-8744.
- COOPER, A., H.N. POINAR, S. PÄÄBO, J. RADOVCIC, A. DEBÉNATH, M. CAPARROS, C. BARROSO-RUIZ, J. BERTRANPETIT, C. NIELSEN-MARSH, R.E.M. HEDGES y B. SYKES. 1997. Neandertal genetics. *Science*. **277 (5329)**: 1021-1024.
- CRECCHIO, C. y G. STOTZKY. 1998. Binding of DNA on humic acids: effect on transformation of *Bacillus subtilis* and resistance to DNase. *Soil. Biol. Biochem.* **30 (8/9)**: 1061-1067.

-
- CRUBÉZY, E., B. LUDES, J.-D. POVEDA, J. CLAYTON, B. CROUAU-ROY y D. MONTAGNON. 1998. Identification of Mycobacterium DNA in an Egyptian Pott's disease of 5,400 years old. *C. R. Acad. Sci. Paris, Sciences de la vie / Life Sciences*. **321** (11): 941-951.
- CÔRTE-REAL, H.B.S.M., V.A. MACAULAY, M.B. RICHARDS, G. HARITI, M.S. ISSAD, A. CAMBON-THOMSEN, S. PAPIHA, J. BERTRANPETIT y B.C. SYKES. 1996. Genetic diversity in the Iberian Peninsula determined from mitochondrial sequence analysis. *Ann. Hum. Genet.* **60**: 331-350.
- DARLU, P. y P. TASSY. 1987. Disputed African origin of human populations. *Nature*. **329**: 111.
- DeGUSTA, D., CH. COOK y G. SENSABAUGH. 1994. Dentin as a source of ancient DNA. *Ancient DNA Newsletter*. **2** (1): 13.
- DeSALLE, R. 1994. Implications of ancient DNA for phylogenetic studies. *Experientia*. **50**: 543-550.
- DeSALLE, R., J. GATESY, W. WHEELER y D. GRIMALDI. 1992. DNA Sequences from fossil termite in Oligo-Miocene amber and their phylogenetic implications. *Science*. **257**: 1933-1936.
- DiRIENZO, A. y A.C. WILSON. 1991. Branching pattern in the evolutionary tree for human mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **88**: 1597-1601.
- DICKEL, C.D. y W.W. HAUSWIRTH. 1992. A rapid method for clean-up ancient DNA. *Ancient DNA Newsletter*. **1** (1): 9.
- DICKMAN, S. 1998. Svante Pääbo: pushing ancient DNA to the limit. *Curr. Biol.* **8** (10): R329-R330.
- DILLS, W.L.J.R. 1993. Protein fructosylation: fructose and the Maillard reaction. *Am. J. Clin. Nutr.* **58** (5): 779S-787S.
- DONNELLY, P. y S. TAVARÉ. 1995. Coalescents and genealogical structure under neutrality. *Annu. Rev. Genet.* **29**: 401-421.
- DORAN, G.H., D.N. DICKEL, JR. W.E. BALLINGER, O.F. AGEE, P.J. LAIPIS y W.W. HAUSWIRTH. 1986. Anatomical, cellular and molecular analysis of 8,000-yr-old human brain tissue from the Windover archaeological site. *Nature*. **323**: 803-806.
- DRANCOURT, M., G. ABOUDHARAM, M. SIGNOLI, O. DUTOUR y D. RAOULT. 1998. Detection of 400-year-old *Yersinia pestis* DNA in human dental pulp: An approach to the diagnosis of ancient septicemia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **95** (21): 12637-12640.
- ECKERT, K.A. y T.A. KUNKEL. 1990. High fidelity DNA synthesis by the *Thermus aquaticus* DNA polymerase. *Nucleic Acids Res.* **18** (13): 3739-3744.
- ECKERT, K.A. y T.A. KUNKEL. 1991. The fidelity of DNA polymerases used in the polymerase chain reactions. En: *PCR. A practical approach*. M.J. McPherson, P. Quirke y G.R. Taylor, Eds. IRL Press, New York. p. 225-244.
- EFRON, B. 1982. The jackknife, the bootstrap and other resampling plans. Society for Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia. 92 pp.
- EGLINTON, G. y G.A. LOGAN. 1991. Molecular preservation. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* **333**: 315-328.
- ELLEGREN, H. 1991. DNA typing of museum birds. *Nature*. **354**: 113.
- ESPY, M.J., T.F. SMITH y D.H. PERSING. 1993. Dependence of polymerase chain reaction product inactivation protocols on amplicon length and sequence composition. *Journal of Clinical Microbiology*. **31** (9): 2361-2365.
- EXCOFFIER, L. 1990. Evolution of human mitochondrial DNA: evidence for departure from a pure neutral model of populations at equilibrium. *J. Mol. Evol.* **30**: 125-139.
- EXCOFFIER, L. y A. LANGANEY. 1989. Origin and differentiation of human mitochondrial DNA. *Am. J. Hum. Genet.* **44**: 73-85.
- EXCOFFIER, L. y S. SCHNEIDER. 1999. Why hunter-gatherer populations do not show signs of Pleistocene demographic expansions. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **96**: 10597-10602.
- EYRE-WALKER, A., N.H. SMITH y J. MAYNARD SMITH. 1999a. How clonal are human mitochondria? *Proc. R. Soc. Lond. B.* **266**: 477-483.
- EYRE-WALKER, A., N.H. SMITH y J. MAYNARD SMITH. 1999b. Reply to Macaulay et al. (1999): mitochondrial DNA recombination - reasons to panic. *Proc. R. Soc. Lond. B.* **266**: 2041-2042.
- FAERMAN, M., D. FILON, G. KAHILA, C.L. GREENBLATT, P. SMITH y A. OPPENHEIM. 1995. Sex identification of archaeological human remains based on amplification of the X and Y amelogenin alleles. *Gene*. **167**: 327-332.
- FAERMAN, M., G. KAHILA, P. SMITH, C. GREENBLATT, L. STAGER, D. FILON y A. OPPENHEIM. 1997. DNA analysis reveals the sex of infanticide victims. *Nature*. **385**: 212-213.

-
- FELSENSTEIN, J. 1981. Evolutionary trees from gene frequencies and quantitative characters: finding maximum likelihood estimates. *Evolution*. **35** (6): 1229-1242.
- FELSENSTEIN, J. 1995. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.57c. Department of Genetics. University of Washington, Seattle.
- FET, V. y R.M. VEZZETTI. 1994. Amplification of mitochondrial DNA from preserved scorpions. *Ancient DNA Newsletter*. **2** (1): 14.
- FISCHMAN, J. 1993. Going for the old: ancient DNA draws a crowd. *Science*. **262**: 655-656.
- FISHER, R.P., T. LISOWSKY, M.A. PARISI y D.A. CLAYTON. 1992. DNA wrapping and bending by a mitochondrial high mobility group-like transcriptional activator protein. *J. Biol. Chem.* **267** (5): 3358-3367.
- FITCH, W. M. y E. MARGOLIASH. 1967. Construction of phylogenetic trees. *Science*. **155**: 279-284.
- FORMAN, L. 1991. The role of DNA in the Courtroom: issues and concerns in the analysis of VNTRs for forensic investigations. *Am. J. Hum. Genet.* **49** (4): 64.
- FORSTER, P., R. HARDING, A. TORRONI y H.-J. BANDEL. 1996. Origin and evolution of native American mtDNA variation: a reappraisal. *Am. J. Hum. Genet.* **59**: 935-945.
- FOX, J.C., M. AIT-KHALED, A. WEBSTER y V.C. EMERY. 1991. Eliminating PCR contamination: is UV irradiation the answer? *Journal of Virological Methods*. **33**: 375-382.
- FRANCALACCI, P. 1995. DNA recovery from ancient tissues: problems and perspectives. *Human Evolution*. **10** (1): 81-91.
- FRANCALACCI, P. y P.E. WARBURTON. 1992. Pre-amplification without primers (pre-PCR): a method to extend ancient molecules. *Ancient DNA Newsletter*. **1** (2): 10-11.
- FRANCALACCI, P., M. ROMANI, S.M. BORGOGNINI TARLI y L.L. CAVALLI-SFORZA. 1992. Chimeric HLA alleles from ancient bones; evidence of museum related contamination? *Ancient DNA Newsletter*. **1** (1): 16-17.
- FRANCALACCI, P., J. BERTRANPETIT, F. CALAFELL y P.A. UNDERHILL. 1996. Sequence diversity of the control region of mitochondrial DNA in Tuscany and its implications for the peopling of Europe. *Am. J. Phys. Anthropol.* **100**: 443-460.
- FRANCALACCI, P., R. MONTIEL y A. MALGOSA. 1999. A mitochondrial DNA database: applications to problems of nomenclature and population genetics. En: *Genomic diversity: applications in human population genetics*. S.S. Papiha, R. Deka y R. Chakraborty, Eds. Kluwer Academic / Plenum Publishers, New York. p. 103-119.
- FROHMAN, M.A., M.K. DUSH y G.R. MARTIN. 1988. Rapid production of full-length cDNAs from rare transcripts: amplification using a single gene-specific oligonucleotide primer. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **85**: 8998-9002.
- FÖRSTER, E. 1994. An improved general method to generate internal standards for competitive PCR. *BioTechniques*. **16**: 18-20.
- GARCÍA, G., A. MORO, J. PIERA, G. SOLER y M. TRIAS. 1994. Excavació arqueològica a la Plaça Vella. Primers resultats. *Terme*. **9**: 14-18.
- GARGAS, A., P. DePRIEST y N. IVANOVA. 1994. Extracting DNA and amplifying rDNA from glacier-covered lichens. *Ancient DNA Newsletter*. **2** (1): 31.
- GEE, H. 1992. Statistical cloud over African Eden. *Nature*. **355**: 583.
- GIBBS, R.A. 1990. DNA amplification by the polymerase chain reaction. *Anal. Chem.* **62**: 1202-1214.
- GILES, R.E., H. BLANC, H.M. CANN y D.C. WALLACE. 1980. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **77** (11): 6715-6719.
- GILL, P. 1995. The use of DNA markers in forensics: the importance of geographical stratification to court presentation. Abstracts of the Euroconference "Human genome variation in Europe: DNA markers". Barcelona, 1985.
- GILL, P., A.J. JEFFREYS y D.J. WERRETT. 1985. Forensic application of DNA "fingerprints". *Nature*. **318**: 577-579.
- GILL-KING, H. 1997. Chemical and ultrastructural aspects of decomposition. En: *Forensic taphonomy. The postmortem fate of human remains*. W.D. Haglund y M.H. Sorg, Eds. CRC Press, Boca Raton. p. 93-108.
- GINTHER, C., L. ISSEL-TARVER y M.C. KING. 1992. Identifying individuals by sequencing mitochondrial DNA from teeth. *Nature Genetics*. **2**: 135-138.
- GLENN, T. y M. BRAUN. 1992. Toward the elimination of contamination from ancient DNA amplifications: use of 2'-deoxyuridine 5'-triphosphate and uracil DNA glycosylase to eliminate carryover PCR products. *Ancient DNA Newsletter*. **1** (2): 28-31.

-
- GOLDENBERGER, D. y M. ALTWEGG. 1995. Eubacterial PCR: contaminating DNA in primer preparations and its elimination by UV light. *Journal of Microbiological Methods*. **21**: 27-32.
- GOLDMAN, N. y N.H. BARTON. 1992. Genetics and geography. *Nature*. **357**: 440-441.
- GOLENBERG, E.M. 1991. Amplification and analysis of Miocene plant fossil DNA. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* **333**: 419-427.
- GOLENBERG, E.M. 1994a. Antediluvian DNA research. *Nature*. **367**: 692.
- GOLENBERG, E.M. 1994b. DNA from plant compression fossils. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 237-256.
- GOLENBERG, E.M., D.E. GIANNASI, M.T. CLEGG, C.J. SMILEY, M. DURBIN, D. HENDERSON y G. ZURAWSKI. 1990. Chloroplast DNA sequence from a Miocene Magnolia species. *Nature*. **344**: 656-658.
- GOODYEAR, P.D., S. MacLAUGHLIN-BLACK e I.J. MASON. 1994. A reliable method for the removal of co-purifying PCR inhibitors from ancient DNA. *BioTechniques*. **16** (2): 232-234.
- GRAVEN, L., G. PASSARINO, O. SEMINO, P. BOURSOT, S. SANTACHIARA-BENERECETTI, A. LANGANEY y L. EXCOFFIER. 1995. Evolutionary correlation between control region sequence and restriction polymorphisms in the mitochondrial genome of a large senegalese Mandenka sample. *Mol. Biol. Evol.* **12** (2): 334-345.
- GRIMALDI, D., E. BONWICH, M. DELANNOY y S. DOBERSTEIN. 1994. Electron microscopic studies of mummified tissues in amber fossils. *American Museum Novitates*. **3097**: 1-31.
- GUTIÉRREZ, G. y A. MARÍN. 1998. The most ancient DNA recovered from an amber-preserved specimen may not be as ancient as it seems. *Mol. Biol. Evol.* **15** (7): 926-929.
- HAGELBERG, E. 1994a. Bone DNA typing for forensic identification. *Ancient DNA Newsletter*. **2** (1): 9-10.
- HAGELBERG, E. 1994b. Mitochondrial DNA from ancient bones. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 195-204.
- HAGELBERG, E. 1997. Ancient and modern mitochondrial DNA sequences and the colonization of the Pacific. *Electrophoresis*. **18**: 1529-1533.
- HAGELBERG, E., B. SYKES y R. HEDGES. 1989. Ancient bone DNA amplified. *Nature*. **342**: 485.
- HAGELBERG, E. y J.B. CLEGG. 1991. Isolation and characterization of DNA archaeological bone. *Proc. R. Soc. Lond. B.* **244**: 399-407.
- HAGELBERG, E., L.S. BELL, T. ALLEN, A. BOYDE, S.J. JONES y J.B. CLEGG. 1991a. Analysis of ancient bone DNA: techniques and applications. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* **333**: 399-407.
- HAGELBERG, E., I.C. GRAY y A.J. JEFFREYS. 1991b. Identification of the skeletal remains of a murder victim by DNA analysis. *Nature*. **352**: 427-429.
- HAGELBERG, E. y J.B. CLEGG. 1993. Genetic polymorphisms in prehistoric Pacific islanders determined by analysis of ancient bone DNA. *Proc. R. Soc. Lond. B.* **252**: 163-170.
- HAGELBERG, E., M.G. THOMAS, CHE.JR. COOK, A.V. SHER, G.F. BARYSHNIKOV y A.M. LISTER. 1994a. DNA from ancient mammoth bones. *Nature*. **370**: 333-334.
- HAGELBERG, E., S. QUEVEDO, D. TURBÓN y J.B. CLEGG. 1994b. DNA from ancient Easter islanders. *Nature*. **369**: 25-26.
- HAGELBERG, E., N. GOLDMAN, P. LIÓ, S. WHELAN, W. SCHIEFENHÖVEL, J.B. CLEGG y D.K. BOWDEN. 1999. Evidence for mitochondrial DNA recombination in a human population of island Melanesia. *Proc. R. Soc. Lond. B.* **266**: 485-492.
- HALBOUT, P.A., A. GARNOTEL, E. ULRICH, H. POMAREDES y P. CORNILLET. 1996. Détermination du sexe par polymerase chain reaction à partir de restes osseux humains antiques et médiévaux. *Bull. et Mem. de la Societe d'Anthropologie de Paris*. **8** (3-4): 465-479.
- HALL, L.M., C. ASHWORTH, A. BARTSIOKAS y D.S. JONES. 1992. Experiments on inhibition problems in old tissues. *Ancient DNA Newsletter*. **1** (2): 9-10.
- HANDT, O., M. RICHARDS, M. TROMMSDORFF, C. KILGER, J. SIMANAINEN, O. GEORGIEV, K. BAUER, A. STONE, R. HEDGES, W. SCHAFFNEER, G. UTERMANN, B. SYKES y S. PÄÄBO. 1994a. Molecular genetic analyses of the Tyrolean Ice Man. *Science*. **264**: 1775-1778.
- HANDT, O., M. HÖSS, M. KRINGS y S. PÄÄBO. 1994b. Ancient DNA: methodological challenges. *Experientia*. **50**: 524-529.

-
- HANDT, O., M. KRINGS, R.H. WARD y S. PÄÄBO. 1996. The retrieval of ancient human DNA sequences. *Am. J. Hum. Genet.* **59**: 368-376.
- HANDT, O., S. MEYER y A. von HAESLER. 1998. Compilation of human mtDNA control region sequences. *Nucleic Acids Res.* **26 (1)**: 126-129.
- HARDY, C., D. CASANE, J.D. VIGNE, C. CALLOU, N. DENNEBOUY, J.-C. MOUNOLOU y M. MONNEROT. 1994. Ancient DNA from Bronze Age bones of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Experientia.* **50**: 564-570.
- HARIHARA, S., H. MOMOKI, Y. SUUTOU, K. SHIMIZU y K. OMOTO. 1992. Frequency of a 9-bp deletion in the mitochondrial DNA among Asian populations. *Hum. Biol.* **64 (2)**: 161-166.
- HARPENDING, H. 1994. Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Hum. Biol.* **66**: 591-600.
- HASEGAWA, M. y S. HORAI. 1991. Time of the deepest root for polymorphism in human mitochondrial DNA. *J. Mol. Evol.* **32**: 37-42.
- HAUSWIRTH, W.W. y P.J. LAIPIS. 1982. Mitochondrial DNA polymorphism in a maternal lineage of Hostein cows. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **79**: 4686-4690.
- HAUSWIRTH, W.W., C.D. DICKEL y D.A. LAWLOR. 1994. DNA analysis of the Windover population. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 104-121.
- HEDGES, S.B., S. KUMAR, K. TAMURA y M. STONEKING. 1991. Human origins and analysis of mitochondrial DNA sequences. *Science.* **255**: 737-739.
- HEDGES, S.B. y M.H. SCHWEITZER. 1995. Detecting dinosaur DNA. *Science.* **268**: 1191.
- HENIKOFF, S. 1995. Detecting dinosaur DNA. *Science.* **268**: 1192.
- HERNIOU, E.A., A.C. PEARCE y D.T.J. LITTLEWOOD. 1998. Vintage helminths yield valuable molecules. *Parasitology Today.* **14 (7)**: 289-292.
- HERRMANN, B. y S. HUMMEL. 1994a. Ancient DNA. Springer-Verlag, New York. 263 pp.
- HERRMANN, B. y S. HUMMEL. 1994b. Introduction. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 1-12.
- HIGUCHI, R. 1992a. Dr. Russ' problem corner. *Ancient DNA Newsletter.* **1 (1)**: 6-8.
- HIGUCHI, R. 1992b. Dr. Russ' problem corner. *Ancient DNA Newsletter.* **1 (2)**: 4-7.
- HIGUCHI, R. 1994. Dr. Russ' problem corner. *Ancient DNA Newsletter.* **2 (1)**: 7-8.
- HIGUCHI, R., B. BOWMAN, M. FREIBERGER, O.A. RYDER y A.C. WILSON. 1984. DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature.* **312**: 282-284.
- HIGUCHI, R., L.A. WRISCHNIK, E. OAKES, M. GEORGE, B. TONG y A.C. WILSON. 1987. Mitochondrial DNA of the extinct quagga: relatedness and extent of postmortem change. *J. Mol. Evol.* **25**: 283-287.
- HIRANO, M., A. SHTILBANS, R. MAYEUX, M.M. DAVIDSON, S. DIMAURO, J.A. KNOWLES y E.A. SCHON. 1997. Apparent mtDNA heteroplasmy in Alzheimer's disease patients and in normals due to PCR amplification of nucleus-embedded mtDNA pseudogenes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **94**: 14894-14899.
- HOPES, B.C. y W.R. McCLURE. 1981. Studies on the selectivity of DNA precipitation by spermine. *Nucleic Acids Res.* **9 (20)**: 5493-5504.
- HOPKIN, K. 1999. Death to sperm mitochondria. *Scientific American.* **March**: 12.
- HORAI, S., T. GOJOBORI y E. MATSUNAGA. 1984. Mitochondrial DNA polymorphism in Japanese. I analysis with restriction enzymes of six base pair recognition. *Human Genetics.* **68**: 324-332.
- HORAI, S. y E. MATSUNAGA. 1986. Mitochondrial DNA polymorphism in Japanese. II analysis with restriction enzymes of four or five base pair recognition. *Human Genetics.* **72**: 105-117.
- HORAI, S., K. HAYASAKA, K. MURAYAMA, N. WATE, H. KOIKE y N. NAKAI. 1989. DNA amplification from ancient human skeletal remains and their sequence analysis. *Proc. Japan Acad.* **65, Ser. B. No. 10**: 229-233.
- HORAI, S. y K. HAYASAKA. 1990. Intraspecific nucleotide sequence differences in the major noncoding region of human mitochondrial DNA. *Am. J. Hum. Genet.* **46**: 828-842.

-
- HORAI, S., R. KONDO, K. MURAYAMA, S. HAYASHI, H. KOIKE y N. NAKAI. 1991. Phylogenetic affiliation of ancient and contemporary humans inferred from mitochondrial DNA. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* **333**: 409-417.
- HORAI, S., Y. SATTA, K. HAYASAKA, R. KONDO, T. INOUE, T. ISHIDA, S. HAYASHI y N. TAKAHATA. 1992. Man's place in Hominoidea revealed by mitochondrial DNA genealogy. *J. Hum. Evol.* **35**: 32-43.
- HORAI, S., R. KONDO, Y. NAKAGAWA-HATTORI, S. HAYASHI, S. SONODA y K. TAJIMA. 1993. Peopling of the Americas, founded by four major lineages of mitochondrial DNA. *Mol. Biol. Evol.* **10** (1): 23-47.
- HORAI, S., K. HAYASAKA, R. KONDO, K. TSUGANE y N. TAKAHATA. 1995. Recent African origin of modern humans revealed by complete sequences of hominoid mitochondrial DNAs. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **92** (2): 532-536.
- HOWELL, N. 1997. mtDNA recombination: what do in vitro data mean? *Am. J. Hum. Genet.* **61**: 18-22.
- HOWELL, N., S. HALVORSON, I. KUBACKA, D.A. MCCULLOUGH, L.A. BINDOFF y D.M. TURNBULL. 1992. Mitochondrial gene segregation in mammals: is the bottleneck always narrow? *Human Genetics.* **90**: 117-120.
- HOWELL, N., I. KUBACKA y D.A. MACKKEY. 1996. How rapidly does the human mitochondrial genome evolve? *Am. J. Hum. Genet.* **59** (3): 501-509.
- HUMMEL, S. y B. HERRMANN. 1991. Y-chromosome-specific DNA amplified in ancient human bone. *Naturwissenschaften.* **78**: 266-267.
- HUMMEL, S. y B. HERRMANN. 1994. General aspects of sample preparation. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 59-68.
- HÄNNI, C., V. LAUDET, M. SAKKA, A. BEGUE y D. STEHELIN. 1990. Amplification de fragments d'ADN mitochondrial à partir de dents et d'os humains anciens. *C. R. de l'Académie des Sciences Paris.* **310 Serie III**: 365-370.
- HÄNNI, C., T. BROUSSEAU, V. LAUDET y D. STEHELIN. 1995. Isopropanol precipitation removes PCR inhibitors from ancient bone extracts. *Nucleic Acids Res.* **23** (5): 881-882.
- H_STAD, O. y M. BJÖRKLUND. 1998. Nucleotide substitution models and estimation of phylogeny. *Mol. Biol. Evol.* **15** (11): 1381-1389.
- HÖSS, M. 1994. More about the silica method. *Ancient DNA Newsletter.* **2** (1): 10-12.
- HÖSS, M. 2000. Neanderthal population genetics. *Nature.* **404**: 453-454.
- HÖSS, M. y S. PÄÄBO. 1993. DNA extraction from Pleistocene bones by a silica-based purification method. *Nucleic Acids Res.* **21** (16): 3913-3914.
- HÖSS, M., S. PÄÄBO y N.K. VERESHCHAGIN. 1994. Mammoth DNA sequences. *Nature.* **370**: 333.
- HÖSS, M., P. JARUGA, T.H. ZASTAWNY, M. DIZDAROGLU y S. PÄÄBO. 1996. DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues. *Nucleic Acids Res.* **24** (7): 1304-1307.
- INNIS, M.A., D.H. GELFAND, J.J. SNINSKY y T.J. WHITE. 1990. PCR Protocols. A guide to methods and applications. Academic Press, Londres y San Diego. 482 pp.
- INTERNATIONAL HUMIC SUBSTANCES SOCIETY 1983. Outline of extraction procedures. Internal Report. 1st Meeting IHSS, Estes Park, Colorado, USA. (UnPub)
- IVANOV, P.L., M.J. WADHAMS, R.K. ROBY, M.M. HOLLAND, V.W. WEEND y T.J. PARSONS. 1996. Mitochondrial DNA sequence heteroplasmy in the Grand Duke of Russia Georgij Romanov establishes the authenticity of the remains of Tsar Nicholas II. *Nature Genetics.* **12** (4): 417-420.
- IZAGIRRE, N. 1998. Aplicación de la biología molecular en el estudio antropológico de las poblaciones humanas del pasado: Análisis del ADN mitocondrial. Tesis doctoral, Euskal Herriko Unibersitatea.
- IZAGIRRE, N., L.M. DURAN y C. DE LA RÚA. 1998. Genética y Arqueología: análisis molecular de ADN procedente de restos esqueléticos. *MUNIBE (Antropología-Arkeología).* **50**: 3-14.
- IZAGIRRE, N. y C. DE LA RÚA. 1999. An mtDNA analysis in ancient Basque populations: implications for haplogroup V as a marker for a major Paleolithic expansion from southwestern Europe. *Am. J. Hum. Genet.* **65**: 199-207.
- JEHAES, E., R. DECORTE, A. PENEAU, J.H. PETRIE, P.A. BOIRY, A. GILISSEN, J.P. MOISAN, H. van den BERGHE, O. PASCAL y J.-J. CASSIMAN. 1998. Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVI, King of France and Marie-Antoinette. *European Journal of Human Genetics.* **6**: 383-395.
- JOHNSON, M.J., D.C. WALLACE, S.D. FERRIS, M.C. RATTAZZI y L.L. CAVALLI-SFORZA. 1983. Radiation of human mitochondrial DNA types analyzed by restriction endonuclease cleavage patterns. *J. Mol. Evol.* **19**: 255-271.

-
- JORDE, L.B., M. BAMSHAD y A.R. ROGERS. 1998. Using mitochondrial and nuclear DNA markers to reconstruct human evolution. *BioEssays*. **20** (2): 126-136.
- KAHN, P. y A. GIBBONS. 1997. DNA from an extinct human. *Science*. **277**: 176-178.
- KANEDA, H., J.-I. HAYASHI, S. TAKAHAMA, C. TAYA, K.F. LINDAHL y H. YONEKAWA. 1995. Elimination of paternal mitochondrial DNA in intraspecific crosses during early mouse embryogenesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **92** (10): 4542-4546.
- KELNMAN, Z. y L. MORAN. 1996. Degradation of ancient DNA. *Curr. Biol*. **6** (3): 223.
- KIMURA, M. 1983. The neutral theory of molecular evolution. Cambridge University Press, Cambridge. 367 pp.
- KITCHIN, P.A., Z. SZOTYORI, C. FROMHOLC y N. ALMOND. 1990. Avoidance of false positives. *Nature*. **344**: 201.
- KOEHLER, C.M., G.L. LINDBERG, D.R. BROWN, D.C. BEITZ, A.E. FREEMAN, J.E. MAYFIELD y A.M. MYERS. 1991. Replacement of bovine mitochondrial DNA by a sequence variant within one generation. *Genetics*. **129**: 247-255.
- KOLMAN, C.J. y N. TUROSS. 2000. Ancient DNA analysis of human populations. *Am. J. Phys. Anthropol*. **111**: 5-23.
- KREIKE, J. y A. LEHNER. 1995. Sex determination and DNA competition in the analysis of forensic mixed stains by PCR. *Int. J. Leg. Med*. **107**: 235-238.
- KRINGS, M., A. STONE, R.W. SCHMITZ, H. KRAINITZKI, M. STONEKING y S. PÄÄBO. 1997. Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans. *Cell*. **90**: 19-30.
- KRÜGER, J. y F. VOGEL. 1989. The problem of our common mitochondrial mother. *Human Genetics*. **82**: 308-312.
- KUMAR, S., K. TAMURA y M. NEI. 1993. MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis, version 1.01. The Pennsylvania State University, University Park, PA 16802.
- KUROSAKI, K., T. MATSUSHITA y S. UEDA. 1993. Individual DNA identification from ancient humans remains. *Am. J. Hum. Genet*. **53**: 638-643.
- KWOK, S. y R. HIGUCHI. 1989. Avoiding false positives with PCR. *Nature*. **339**: 237-238.
- KWOK, S., D.E. KELLOGG, N. MCKINNEY, D. SPASIC, L. GODA, C. LEVENSON y J.J. SNINSKY. 1990. Effects of primer-template mismatches on the polymerase chain reaction: human immunodeficiency virus type 1 model studies. *Nucleic Acids Res*. **18** (4): 999-1005.
- LALUEZA FOX, C. 1997. mtDNA analysis in ancient Nubians supports the existence of gene flow between sub-Saharan and North Africa in the Nile valley. *Ann. Hum. Biol*. **24** (3): 217-227.
- LALUEZA, C. 1995. Recuperación de DNA mitocondrial y caracterización de variabilidad en poblaciones antiguas. Tesis doctoral, Universitat de Barcelona.
- LALUEZA, C. 1996. Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego-Patagonia: inferences about the peopling of the Americas. *Hum. Biol*. **68** (6): 855-871.
- LALUEZA, C., A. PÉREZ-PÉREZ, E. PRATS, L. CORNUDELLA y D. TURBÓN. 1997. Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct Aborigines from Tierra del Fuego - Patagonia. *Hum. Mol. Genet*. **6** (1): 41-46.
- LAWLOR, D.A., C.D. DICKEL, W.W. HAUSWIRTH y P. PARHAM. 1991. Ancient HLA genes from 7,500 year-old archaeological remains. *Nature*. **349**: 785-788.
- LIGHTOWLERS, R.N., P.F. CHINNERY, D.M. TURNBULL y N. HOWELL. 1997. Mammalian mitochondrial genetics: heredity, heteroplasmy and disease. *Trends in Genetics*. **13** (11): 450-455.
- LINDAHL, T. 1993a. Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature*. **362**: 709-715.
- LINDAHL, T. 1993b. Recovery of antediluvian DNA. *Nature*. **365**: 700.
- LINDAHL, T. 1997. Facts and artifacts of ancient DNA. *Cell*. **90**: 1-3.
- LINDAHL, T. y A. ANDERSSON. 1972. Rate of chain breakage at apurinic sites in double-stranded deoxyribonucleic acid. *Biochemistry* **11** (19): 3618-3623.
- LINDAHL, T. y B. NYBERG. 1972. Rate of depurination of native deoxyribonucleic acid. *Biochemistry* **11** (19): 3610-3618.
- LOGAN, G.A., J.J. BOON y G. EGLINTON. 1993. Structural biopolymer preservation in Miocene leaf fossils from the Clarkia site, northern Idaho. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **90**: 2246-2250.

-
- LONGO, M.C., M.S. BERNINGER y J.L. HARTLEY. 1990. Use of uracil DNA glycosylase to control carry-over contamination in polymerase chain reactions. *Gene*. **93 (1)**: 125-128.
- LORENZ, M.G. y W. WACKERNAGEL. 1987. Adsorption of DNA to sand and variable degradation rates of adsorbed DNA. *App. Environ. Microbiol.* **53 (12)**: 2948-2952.
- LOY, T.H. 1992. Detection, amplification and identification of 2800 year old DNA from blood residues on prehistoric stone tools. *Ancient DNA Newsletter*. **1 (2)**: 20-21.
- LUNDSTROM, R., S. TAVARÉ y R.H. WARD. 1992. Estimating substitution rates from molecular data using the coalescent. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **89 (13)**: 5961-5965.
- LUTZ, S., H.-J. WEISSER, J. HEIZMANN y S. POLLAK. 1996. mtDNA as a tool for identification of human remains. Identification using mtDNA. *Int. J. Leg. Med.* **109**: 205-209.
- MACAULAY, V.A., M.B. RICHARDS, P. FORSTER, K.E. BENDALL, E. WATSON, B. SYKES y H.-J. BANDELT. 1997. mtDNA mutation rates - no need to panic. *Am. J. Hum. Genet.* **61**: 983-986.
- MACAULAY, V., M. RICHARDS, E. HICKEY, E. VEGA, F. CRUCIANI, V. GUIDA, R. SCOZZARI, B. BONNÉ-TAMIR, B. SYKES y A. TORRONI. 1999a. The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *Am. J. Hum. Genet.* **64**: 232-249.
- MACAULAY, V., M. RICHARDS y B. SYKES. 1999b. Mitochondrial DNA recombination - no need to panic. *Proc. R. Soc. Lond. B*. **266**: 2037-2039.
- MACCARTHY, P. y J.A. RICE. 1985. Spectroscopic methods (other than NMR) for determining functionality in humic substances. En: *Humic substances in soil; sediment and water*. G.R. Aiken, D.M. Mcknight, R.L. Wershaw y P. MacCarthy, Eds. John Wiley and Sons, New York. p. 527-559.
- MADDISON, D.R. 1991. African origin of human mitochondrial DNA reexamined. *Syst. Zool.* **40 (3)**: 355-363.
- MANDERSCHIED, E.J. y A.R. ROGERS. 1996. Genetic admixture in the late Pleistocene. *Am. J. Phys. Anthropol.* **100**: 1-5.
- MANNUCCI, A., K.M. SULLIVAN, P.L. IVANOV y P. GILL. 1994. Forensic application of a rapid and quantitative DNA sex test by amplification of the X-Y homologous gene amelogenin. *Int. J. Leg. Med.* **106**: 190-193.
- MARCHINGTON, D.R., G.M. HARTSHORNE, D. BARLOW y J. POULTON. 1997. Homopolymeric tract heteroplasmy in mtDNA from tissues and single oocytes: support for a genetic bottleneck. *Am. J. Hum. Genet.* **60**: 408-416.
- McPHERSON, M.J., P. QUIRKE y G.R. TAYLOR. 1991. PCR. A practical approach. IRL Press, New York. 253 pp.
- MEIER, A., D.H. PERSING, M. FINKEN y E.C. BÖTTGER. 1993. Elimination of contaminating DNA within polymerase chain reaction reagents: implications for a general approach to detection of uncultured pathogens. *Journal of Clinical Microbiology*. **31 (3)**: 646-652.
- MENOZZI, P., A. PIAZZA y L.L. CAVALLI-SFORZA. 1978. Synthetic maps of human gene frequencies in Europeans. *Science*. **201**: 786-792.
- MERRIWETHER, D.A., A.G. CLARK, S.W. BALLINGER, T.G. SCHURR, H. SOODYALL, T. JENKINS, S.T. SHERRY y D.C. WALLACE. 1991. The structure of human mitochondrial DNA variation. *J. Mol. Evol.* **33**: 543-555.
- MERRIWETHER, D.A., F. ROTHHAMMER y R.E. FERRELL. 1994. Genetic variation in the New World: ancient teeth, bone, and tissue as sources of DNA. *Experientia*. **50**: 592-601.
- MONNAT, R.J. y L.A. LOEB. 1985. Nucleotide sequence preservation of human mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **82**: 2895-2899.
- MONSALVE, M.V., F. CARDENAS, F. GUHL, A.D. DELANEY y D.V. DEVINE. 1996. Phylogenetic analysis of mtDNA lineages in South American mummies. *Ann. Hum. Genet.* **60**: 293-303.
- MONTIEL, R., A. MALGOSA y E. SUBIRÀ. 1997. Overcoming PCR inhibitors in ancient DNA extracts from teeth. *J. Ancient Biomol.* **1**: 221-225.
- MORETTI, T., B. KOONS y B. BUDOWLE. 1998. Enhancement of PCR amplification yield and specificity using AmpliTaq Gold™ DNA polymerase. *BioTechniques*. **25 (4)**: 716-722.
- MULLIS, K.B. 1990. The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American*. **262 (4)**: 36-43.
- MULLIS, K.B. y F.A. FALOONA. 1987. Specific synthesis of DNA in Vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Meth. Enzymol.* **155**: 335-350.

-
- NACHMAN, M.W. 1998. Deleterious mutations in animal mitochondrial DNA. *Genetica*. **102/103**: 61-69.
- NACHMAN, M.W., W.M. BROWN, M. STONEKING y C.F. AQUADRO. 1996. Nonneutral mitochondrial DNA variation in humans and chimpanzees. *Genetics*. **142**: 953-963.
- NAGARAJ, R.H. y V.M. MONNIER. 1992. Isolation and characterization of a blue fluorophore from human eye lens crystallins: in vitro formation from Maillard reaction with ascorbate and ribose. *Biochem. Biophys. Acta* **1116 (1)**: 34-42.
- NEI, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York, N.Y. 512 pp.
- NEI, M. y F. TAJIMA. 1983. Maximum likelihood estimation of the number of nucleotide substitutions from restriction sites data. *Genetics*. **105**: 207-217.
- NEI, M. y J.C. MILLER. 1990. A simple method for estimating average number of nucleotide substitutions within and between populations from restriction data. *Genetics*. **125**: 873-879.
- NERLICH, A.G., C.J. HAAS, A. ZINK, U. SZEIMIES y H.G. HAGEDORN. 1997. Molecular evidence for tuberculosis in an ancient Egyptian mummy. *The Lancet*. **350 (Nov)**: 1404.
- NEWMAN, S.M., O. ZELENAYA-TROITSKAYA, P.S. PERLMAN y R.A. BUTOW. 1996. Analysis of mitochondrial DNA nucleoids in wild-type and a mutant strain of *Saccharomyces cerevisiae* that lacks the mitochondrial HMG box protein Abf2p. *Nucleic Acids Res.* **24 (2)**: 386-393.
- NEWTON, C.R., A. GRAHAM, L.E. HEPTINSTALL, S.J. POWELL, C. SUMMERS, N. KALSHEKER, J.C. SMITH y A.F. MARKHAM. 1989. Analysis of any point mutation in DNA. The amplification refractory mutation system (ARMS). *Nucleic Acids Res.* **17 (7)**: 2503-2516.
- NIELSEN, H., J. ENBERG y I. THUESEN. 1994. DNA from Arctic human burials. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 122-140.
- NOMIYAMA, H., M. FAKUDA, S. WAKASUGI, T. TSUZUKI y K. SHIMADA. 1985. Molecular structures of mitochondrial-DNA-like sequences in human nuclear DNA. *Nucleic Acids Res.* **13 (5)**: 1649-1658.
- NORDBORG, M. 1998. On the probability of Neanderthal ancestry. *Am. J. Hum. Genet.* **63 (4)**: 1237-1240.
- OOTA, H., N. SAITOU, T. MATSUSHITA y S. UEDA. 1995. A genetic study of 2,000-year-old human remains from Japan using mitochondrial DNA sequences. *Am. J. Phys. Anthropol.* **98**: 133-145.
- OOTA, H., N. SAITOU, T. MATSUSHITA y S. UEDA. 1999. Molecular genetic analysis of remains of a 2,000-year-old human population in China - and its relevance for the origin of the modern Japanese population. *Am. J. Hum. Genet.* **64**: 250-258.
- ORREGO, C. y M.C. KING. 1990. Determination of familial relationships. En: *PCR Protocols: A guide to methods and applications*. M.A. Innis, D.H. Gelfand, J.J. Sninsky y T.J. White, Eds. Academic Press, San Diego. p. 416-426.
- OU, C.-Y., J.L. MOORE y G. SCHOCHETMAN. 1991. Use of UV irradiation to reduce false positivity in polymerase chain reaction. *BioTechniques*. **10 (4)**: 442-445.
- OVCHINNIKOV, I.V., O.I. OVTCHINNIKOVA, E.B. DRUZINA, A.P. BUZHILOVA y N.A. MAKAROV. 1998. Molecular genetic sex determination of Medieval human remains from North Russia: Comparison with archaeological and anthropological criteria. *Anthropol. Anz.* **56**: 7-15.
- OVCHINNIKOV, I.V., A. GÖTHERSTRÖM, G.P. ROMANOVA, V.M. KHARITONOV, K. LIDÉN y W. GOODWIN. 2000. Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus. *Nature*. **404**: 490-493
- PAGE, R. D. M. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* **12**: 357-358.
- PALMIROTTA, R., F. VERGINELLI, G. DI TOTA, P. BATTISTA, A. CAMA, S. CARAMIELLO, L. CAPASSO y R. MARIANI-COSTANTINI. 1997. Use of a multiplex polymerase chain reaction assay in the sex typing of DNA extracted from archaeological bone. *International Journal of Osteoarchaeology*. **7**: 605-609.
- PALMIROTTA, R., F. VERGINELLI, A. CAMA, R. MARIANI-COSTANTINI, L. FRATI y P. BATTISTA. 1998. Origin and gender determination of dried blood on a statue of the Virgin Mary. *J. Forensic Sci.* **43 (2)**: 431-434.
- PANACCIO, M., M. GEORGESZ, C. HOLLYWELL y A. LEW. 1993. Direct PCR from solid tissues without DNA extraction. *Nucleic Acids Res.* **21 (19)**: 4656.
- PARR, R.L., S.W. CARLYLE y D.H. O'ROURKE. 1996. Ancient DNA analysis of Fremont Amerindians of the Great Salt Lake Wetlands. *Am. J. Phys. Anthropol.* **99**: 507-518.

-
- PARSONS, T.J., D.S. MUNIEC, K. SULLIVAN, N. WOODYATT, R. ALLISTON-GREINER, M.R. WILSON, D.L. BERRY, K.A. HOLLAND, V.W. WEEDN, P. GILL y M.M. HOLLAND. 1997. A high observed substitution rate in the human mitochondrial DNA control region. *Nature Genetics*. **15**: 363-367.
- PARSONS, T.J. y V.W. WEEDN. 1997. Preservation and recovery of DNA in postmortem specimens and trace samples. En: *Forensic taphonomy. The postmortem fate of human remains*. W.D. Haglund y M.H. Sorg, Eds. CRC Press, Boca Raton. p. 109-138.
- PASCAL, O., D. AUBERT, E. GILBERT y J.P. MOISAN. 1991. Sexing of forensic samples using PCR. *Int. J. Leg. Med.* **104**: 205-207.
- PASSARINO, G., O. SEMINO, L. QUINTANA-MURCI, L. EXCOFFIER, M. HAMMER y A.S. SANTACHIARA-BENERECETTI. 1998. Different genetic components in the Ethiopian population, identified by mtDNA and Y-chromosome polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* **62** (2): 420-434.
- PENNY, D., M. STEEL, P.J. WADDELL y M.D. HENDY. 1995. Improved analyses of human mtDNA sequences support a recent African origin for Homo sapiens. *Mol. Biol. Evol.* **12** (5): 863-882.
- PÉREZ-LEZAUN, A., F. CALAFELL, D. COMAS, E. MATEU, E. BOSCH, R. MARTÍNEZ-ARIAS, J. CLARIMÓN, G. FIORI, D. LUISELLI, F. FACCHINI, D. PETTENER y J. BERTRANPETIT. 1999. Sex-specific migration patterns in Central Asian populations, revealed by analysis of Y-chromosome short tandem repeats and mtDNA. *Am. J. Hum. Genet.* **65**: 208-219.
- PÉREZ-PÉREZ, A. 1992. Ancient bone analysis in Spain: Cystic Fibrosis and mtDNA. *Ancient DNA Newsletter*. **1** (1): 33-34.
- PERSSON, P. 1992. A method to recover DNA from ancient bones. *Ancient DNA Newsletter*. **1** (1): 25-27.
- PERSSON, P. 1993. DNA from a human bone from the Rössberga Megalith. *Archaeology and Natural Science*. **1**: 97-110.
- PESOLE, G., E. SBIS, G. PREPARATA y C. SACCONI. 1992. The evolution of the mitochondrial D-loop region and the origin of modern man. *Mol. Biol. Evol.* **9** (4): 587-598.
- PFITZINGER, H., B. LUDS y P. MANGIN. 1993. Sex determination of forensic samples: co-amplification and simultaneous detection of a Y-specific and an X-specific DNA sequence. *Int. J. Leg. Med.* **105**: 213-216.
- PIERCY, R., K.M. SULLIVAN, N. BENSON y P. GILL. 1993. The application of mitochondrial DNA typing to the study of white Caucasian genetic identification. *Int. J. Leg. Med.* **106**: 85-90.
- POINAR, G.O.JR. 1993. Recovery of antediluvian DNA. *Nature*. **365**: 700.
- POINAR, G.O.JR., H.N. POINAR y R.J. CANO. 1994. DNA from amber inclusions. En: *Ancient DNA*. B. Herrmann y S. Hummel, Eds. Springer Verlag, New York. p. 92-103.
- POINAR, H.N., R.J. CANO y G.O.JR. POINAR. 1993. DNA from an extinct plant. *Nature*. **363**: 677.
- POINAR, H.N., M. HÖSS, J.L. BADA y S. PÄÄBO. 1996. Amino acid racemization and the preservation of ancient DNA. *Science*. **272**: 864-866.
- POINAR, H.N., M. HOFREITER, W.G. SPAULDING, P.S. MARTIN, B.A. STANKEWICZ, H. BLAND, R.P. EVERSLED, G. POSSNERT y S. PÄÄBO. 1998. Molecular coproscopy: dung and diet of the extinct ground sloth Nototheriops shastensis. *Science*. **281**: 402-406.
- PUSCH, C.M., I. GIDDINGS y M. SCHOLZ. 1998. Repair of degraded duplex DNA from prehistoric samples using Escherichia coli DNA polymerase I and T4 DNA ligase. *Nucleic Acids Res.* **26** (3): 857-859.
- PUZZLE: Maximum likelihood analysis for nucleotide, amino acid, and two-state data. Versión 4.0.2, Abril de 1999. Copyright 1995-99 por Korbinian Strimmer y Arndt von Haeseler.
- PÄÄBO, S. 1985a. Preservation of DNA in ancient Egyptian mummies. *Journal of Archaeological Science*. **12**: 411-417.
- PÄÄBO, S. 1985b. Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA. *Nature*. **314**: 644-645.
- PÄÄBO, S. 1986. Molecular genetic investigations of ancient human remains. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*. **51**: 441-446.
- PÄÄBO, S. 1987. Molecular genetic methods in archaeology. A prospect. *Anthropol. Anz.* **45**: 9-17.
- PÄÄBO, S. 1989. Ancient DNA: extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **86**: 1939-1943.
- PÄÄBO, S. 1990. Amplifying ancient DNA. En: *PCR Protocols. A guide to methods and applications*. M.A. Innis, D.H. Gelfand, J.J. Sninsky y T.J. White, Eds. Academic Press, London and San Diego. p. 159-166.
- PÄÄBO, S. 1993. Ancient DNA. *Scientific American*. **November**: 60-66.

-
- PÄÄBO, S. 1996. Mutational hot spots in the mitochondrial microcosm. *Am. J. Hum. Genet.* **59**: 493-496.
- PÄÄBO, S., J.A. GIFFORD y A.C. WILSON. 1988. Mitochondrial DNA sequences from a 7000-year old brain. *Nucleic Acids Res.* **16 (20)**: 9775-9787.
- PÄÄBO, S. y A.C. WILSON. 1988. Polymerase chain reaction reveals cloning artifacts. *Nature.* **334**: 387-388.
- PÄÄBO, S., R.G. HIGUCHI y A.C. WILSON. 1989. Ancient DNA and the polymerase chain reaction. The emerging field of molecular archaeology. *J. Biol. Chem.* **264**: 9709-9712.
- PÄÄBO, S., D.M. IRWIN y A.C. WILSON. 1990. DNA damage promotes jumping between templates during enzymatic amplification. *J. Biol. Chem.* **265**: 4718-4721.
- PÄÄBO, S. y A.C. WILSON. 1991. Miocene DNA sequences - a dream come true? *Curr. Biol.* **1 (1)**: 45-46.
- PÖTSCH, L., U. MEYER, S. ROTHSCCHILD, P.M. SCHNEIDER y CH. RITTNER. 1992. Application of DNA techniques for identification using human dental pulp as a source of DNA. *Int. J. Leg. Med.* **105**: 139-143.
- RAFI, A., M. SPIGELMAN, J. STANFORD, E. LEMMA, H. DONOGHUE y J. ZIAS. 1994. *Mycobacterium leprae* DNA from ancient bone detected by PCR. *The Lancet.* **343 (8909)**: 1360-1361.
- RANDO, J.C., F. PINTO, A. M. GONZÁLEZ, M. HERNÁNDEZ, J. M. LARRUGA, V. M. CABRERA y H.-J. BANDELDT. 1998. Mitochondrial DNA analysis of Northwest African populations reveals genetic exchanges with European, Near-Eastern, and sub-Saharan populations. *Ann. Hum. Genet.* **62**: 531-550.
- RAYMOND M. y F. ROUSSET. 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution.* **49**: 1280-1283.
- RAYMOND M. y F. ROUSSET. 2000. GENEPOP ver 3.2: population genetics software for exact tests and ecumenicism. Institut des Sciences de l'Evolution. Université de Montpellier II, France.
- RELETHFORD, J.H. 1998. Mitochondrial DNA and ancient population growth. *Am. J. Phys. Anthropol.* **105**: 1-7.
- REST, A. 1982. Porphyrins and phthalocyanines. En: *Light, chemical change and life*. J.D. Coyle, R.R. Hill y D.R. Roberts, Eds. The open university press. p. 43-51.
- REYNOLDS, J. B., B. S. WEIR y C. C. COCKERHAM. 1983. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics.* **105**: 767-779.
- RIBEIRO DOS SANTOS, A.K.C., S.E.B. SANTOS, A.L. MACHADO, V. GUAPINDAIA y M.A. ZAGO. 1996. Heterogeneity of mitochondrial DNA haplotypes in pre-Columbian natives of the Amazon region. *Am. J. Phys. Anthropol.* **101 (1)**: 29-37.
- RICHARDS, M., K. SMALEY, B. SYKES y R. HEDGES. 1992. Amplification of DNA from ancient bone: a protocol. *Ancient DNA Newsletter.* **1 (1)**: 9.
- RICHARDS, M.B. y B.C. SYKES. 1995. Authenticating DNA extracted from ancient skeletal remains. *Journal of Archaeological Science.* **22**: 291-299.
- RICHARDS, M., H. CÔRTE-REAL, P. FORSTER, V. MACAULAY, H. WILKINSON-HERBOTS, A. DEMAINE, S. PAPIHA, R. HEDGES, H.-J. BANDELDT y B. SYKES. 1996. Paleolithic and Neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am. J. Hum. Genet.* **59**: 185-203.
- RICHARDS, M., V. MACAULAY, B. SYKES, P. PETTITT, R. HEDGES, P. FORSTER y H.-J. BANDELDT. 1997. Reply to Cavalli-Sforza and Minch. *Am. J. Hum. Genet.* **61**: 251-254.
- RICHARDS, M.B., V.A. MACAULAY, H.-J. BANDELDT y B.C. SYKES. 1998. Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe. *Ann. Hum. Genet.* **62 (Part 3)**: 241-260.
- RICHTER, C., J.-W. PARK y B.N. AMES. 1988. Normal oxidative damage to mitochondrial and nuclear DNA is extensive. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **85**: 6465-6467.
- ROGAN, P.K. y J.J. SALVO. 1990. Study of nucleic acids isolated from ancient remains. *Y. Phys. Anthropol.* **33**: 195-214.
- ROGERS, A. 1995. Genetic evidence for a Pleistocene population explosion. *Evolution.* **49(4)**: 608-615.
- ROGERS, A.R. y H. HARPENDING. 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Mol. Biol. Evol.* **9 (3)**: 552-569.
- ROLLO, F., A. AMICI y R. SALVI. 1988. Short but faithful pieces of ancient DNA. *Nature.* **335**: 774.
- ROLLO, F., W. ASCI, S. ANTONINI, I. MAROTA y M. UBALDI. 1994. Molecular ecology of a Neolithic meadow: the DNA of the grass remains from the archaeological site of the Tyrolean Iceman. *Experientia.* **50**: 576-584.

-
- ROMANOWSKI, G., M.G. LORENZ y W. WACKERNAGEL. 1991. Adsorption of plasmid DNA to mineral surfaces and protection against DNase I. *App. Environ. Microbiol.* **57** (4): 1057-1061.
- ROSS, P.E. 1992. Eloquent remains. *Scientific American.* **266** (5): 72-81.
- ROY, M.S., D.J. GIRMAN, A.C. TAYLOR y R.K. WAYNE. 1994. The use of museum specimens to reconstruct the genetic variability and relationships of extinct populations. *Experientia.* **50**: 551-563.
- ROZAS, J. y R. ROZAS. 1999. DnaSP version 3: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics.* **15**: 174-175.
- RUVOLO, M., S. ZEHR, M. von DORNUM, D. PAN, B. CHANG y J. LIN. 1993. Mitochondrial COII sequences and modern human origins. *Mol. Biol. Evol.* **10** (6): 1115-1135.
- RYS, P.N. y D.H. PERSING. 1993. Preventing false positives: quantitative evaluation of three protocols for inactivation of polymerase chain reaction amplification products. *Journal of Clinical Microbiology.* **31** (9): 2356-2360.
- RÖHL, A. 1997. NETWORK: a program package for calculating phylogenetic networks. Mathematisches Seminar, University of Hamburg, Hamburg.
- SAIKI, R.K., S. SCHARF, F.A. FALOONA, K.B. MULLIS, G.T. HORN, H.A. ERLICH y N. ARNHEIM. 1985. Enzymatic amplification of α -Globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science.* **230**: 1350-1354.
- SAIKI, R.K., D.H. GELFAND, S. STOFFEL, S.J. SCHARF, R. HIGUCHI, G.T. HORN, K.B. MULLIS y H.A. ERLICH. 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science.* **239**: 487-491.
- SAITOU, N. 1991. Reconstruction of molecular phylogeny of extant hominoids from DNA sequence data. *Am. J. Phys. Anthropol.* **84**: 75-85.
- SAITOU, N. y K. OMOTO. 1987. Time and place of human origins from mtDNA data. *Nature.* **327**: 288.
- SAITOU, N. y M. NEI. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* **4** (4): 406-425.
- SAJANTILA, A., P. LAHERMO, T. ANTTINEN, M. LUKKA, P. SISTONEN, M.-L. SAVONTAUS, P. AULA, L. BECKMAN, L. TRANEBJAERG, T. GEDDE-DAHL, L. ISSEL-TARVER, A. DIRIENZO y S. PÄÄBO. 1995. Genes and languages in Europe: An analysis of mitochondrial lineages. *Genome Res.* **5**: 42-52.
- SALAS, A., D. COMAS, M.V. LAREU, J. BERTRANPETIT y A. CARRACEDO. 1998. mtDNA analysis of the Galician population: a genetic edge of European variation. *European Journal of Human Genetics.* **6** (4): 365-375.
- SALO, W.L., A.C. AUFDERHEIDE, J. BUIKSTRA y T.A. HOLCOMB. 1994. Identification of *Mycobacterium tuberculosis* DNA in a pre-Columbian Peruvian mummy. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **91**: 2091-2094.
- SAMBROOK, J., E.F. FRITSCH y T. MANIATIS. 1989. Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY.
- SANGER, F., S. NICKLEN y A.R. COULSON. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **74** (12): 5463-5467.
- SARKAR, G. y S. SOMMER. 1990a. Shedding light on PCR contamination. *Nature.* **343**: 27.
- SARKAR, G. y S. SOMMER. 1990b. More light on PCR contamination. *Nature.* **347**: 340-341.
- SCHMIDT, W. 1998. Phylogenetic analysis of nucleotide sequences: an algebraic approach. *Math. Biosci.* **154**: 39-55.
- SCHNEIDER, S., J.-M. KUEFFER, D. ROESSLI, y EXCOFFIER, L. 1997. Arlequin ver. 1.1: A software for population genetic data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
- SCHOLZ, M., I. GIDDINGS y C.M. PUSCH. 1998. A polymerase chain reaction inhibitor of ancient hard and soft tissue DNA extracts is determined as human collagen type I. *Anal. Biochem.* **259**: 283-286.
- SCHULTZ, M. 1997. Microscopic investigation of excavated skeletal remains: a contribution to paleopathology and forensic medicine. En: *Forensic taphonomy. The postmortem fate of human remains.* W.D. Haglund y M.H. Sorg, Eds. CRC Press, Boca Raton. p. 201-222.
- SCHURR, T.G., S.W. BALLINGER, Y.Y. GAN, J.A. HODGE, D.A. MERRIWETHER, D.N. LAWRENCE, W.C. KNOWLER, K.M. WEISS y D.C. WALLACE. 1990. Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutations at high frequencies, suggesting they derived from four primary maternal lineages. *Am. J. Hum. Genet.* **46**: 613-623.

-
- SCHWARTZ, T.R., E.A. SCHWARTZ, L. MIESZERSKI, L. MCNALLY y L. KOBILINSKY. 1991. Characterization of deoxyribonucleic acid (DNA) obtained from teeth subjected to various environmental conditions. *J. Forensic. Sci.* **36** (4): 979-990.
- SCHWIEGER, F. y C.C. TEBBE. 1997. Efficient and accurate PCR amplification and detection of a recombinant gene in DNA directly extracted from soil using the expand high fidelity PCR system and T4 gene 32 protein. *Boehringer Mannheim PCR-Bibliographie.* 73-75.
- SHERRY, S.T., A.R. ROGERS, H. HARPENDING, H. SOODYALL, T. JENKINS y M. STONEKING. 1994. Mismatch distributions of mtDNA reveal recent human population expansions. *Hum. Biol.* **66** (5): 761-775.
- SHUSTER, R.C., A.J. RUBENSTEIN y D.C. WALLACE. 1988. Mitochondrial DNA in anucleate human blood cells. *Biochemical and Biophysical Research Communications.* **155** (3): 1360-1365.
- SIDOW, A., A.C. WILSON y S. PÄÄBO. 1991. Bacterial DNA in *Clarkia* fossils. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* **333**: 429-433.
- SIMONI, L., F. CALAFELL, D. PETTENER, J. BERTRANPETIT y G. BARBUJANI. 2000a. Geographic patterns of mtDNA diversity in Europe. *Am. J. Hum. Genet.* **66**: 262-278.
- SIMONI, L., F. CALAFELL, D. PETTENER, J. BERTRANPETIT y G. BARBUJANI. 2000b. Reconstruction of Prehistory on the basis of genetic data. *Am. J. Hum. Genet.* **66**: 1177-1179.
- SLATKIN, M., 1991. Inbreeding coefficients and coalescence times. *Genet. Res. Camb.* **58**: 167-175.
- SLATKIN, M., 1995. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics.* **139**: 457-462.
- SLATKIN, M. y W.P. MADDISON. 1990. Detecting isolation by distance using phylogenies of genes. *Genetics.* **123**: 603-613.
- SLATKIN, M. y R.R. HUDSON. 1991. Pairwise comparison of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics.* **129**: 555-562.
- SMITH, M.F., W.K. THOMAS y J.L. PATTON. 1992. Mitochondrial DNA-like sequence in the nuclear genome of an akodontine rodent. *Mol. Biol. Evol.* **9** (2): 204-215.
- SNEATH, P.H. y R.R. SOKAL. 1973. Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification. W.H. Freeman and company, San Francisco. 573 pp.
- SOBER, E. 1993. Experimental test of phylogenetic inference methods. *Syst. Biol.* **42** (1): 85-89.
- SOKAL, R.R., N.L. ODEN y C. WILSON. 1991. Genetic evidence for the spread of agriculture in Europe by demic diffusion. *Nature.* **351**: 143-145.
- SOLTIS, P.S., D.E. SOLTIS y C.J. SMILEY. 1992. An *rbcL* sequence from a Miocene *Taxodium* (bald cypress). *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **89**: 449-451.
- SPUHLER, J.N. 1988. Evolution of mitochondrial DNA in monkeys, apes, and humans. *Y. Phys. Anthropol.* **31**: 15-48.
- STEVENSON, F.J. 1982. Humus chemistry. Genesis, composition, reactions. John Wiley and Sons, N.Y. 443 pp.
- STONE, A.C. y M. STONEKING. 1993. Ancient DNA from a pre-Columbian Amerindian population. *Am. J. Phys. Anthropol.* **92**: 463-471.
- STONE, A.C., G.R. MILNER, S. PÄÄBO y M. STONEKING. 1996. Sex determination of ancient human skeletons using DNA. *Am. J. Phys. Anthropol.* **99** (2): 231-238.
- STONE, A.C. y M. STONEKING. 1998. mtDNA analysis of a prehistoric Oneota population: implications for the peopling of the New World. *Am. J. Hum. Genet.* **62**: 1153-1170.
- STONEKING, M. 1993. DNA and recent human evolution. *Evol. Anthropol.* **2**: 60-73.
- STONEKING, M. 1994. In defense of "Eve"-a response to Templeton's critique. *American Anthropologist.* **96** (1): 131-141.
- STONEKING, M. 1995. Ancient DNA: how do you know when you have it and what can you do with it? *Am. J. Hum. Genet.* **57**: 1259-1262.
- STONEKING, M., K. BHATIA y A.C. WILSON. 1986. Rate of sequence divergence estimated from restriction maps of mitochondrial DNAs from Papua New Guinea. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology.* **LI**: 433-439.
- STONEKING, M., S.T. SHERRY, A.J. REDD y L. VIGILANT. 1992. New approaches to dating suggest a recent age for the human mtDNA ancestor. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* **337**: 167-175.
- STRAUSS, E. 1999. mtDNA shows signs of paternal influence. *Science.* **286**: 2436-2436.

-
- STRIMMER, K. y A. von HAESELER. 1996. Quartet puzzling: a quartet maximum likelihood method for reconstructing tree topologies. *Mol. Biol. Evol.* **13**: 964-969
- STRINGER, C. 1989. The origin of early modern humans: A comparison of the European and non-European evidence. En: *The human revolution: Behavioral and biological perspectives on the origins of modern humans*. P. Mellars y C. Stringer, Eds. Edinburgh University Press, Edinburgh. p. 232-244.
- SULLIVAN, K.M., R. HOPGOOD y P. GILL. 1992. Identification of human remains by amplification and automated sequencing of mitochondrial DNA. *Int. J. Leg. Med.* **105**: 83-86.
- SULLIVAN, K., A. MANNUCCI, C. KIMPTON y P. GILL. 1993. A rapid and quantitative DNA sex test: fluorescence-based PCR analysis of X-Y homologous gene amelogenin. *BioTechniques*. **15** (4): 636-641.
- SYKES, B. 1991. The past comes alive. *Nature*. **352**: 381-382.
- SYKES, B. 1993. Less cause for grave concern. *Nature*. **366**: 513-513.
- SYKES, B. 1997. Lights turning red on amber. *Nature*. **386**: 764-765.
- TAJIMA, F. 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*. **105**: 437-460.
- TAKAHATA, N. 1993. Allelic genealogy and human evolution. *Mol. Biol. Evol.* **10** (1): 2-22.
- TAKAHATA, N. 1995. A genetic perspective on the origin and history of humans. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* **26**: 343-372.
- TAKAHATA, N. 1996. Neutral theory of molecular evolution. *Curr. Opin. Genet. Dev.* **6**: 767-772.
- TAMURA, K. y M. NEI. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol. Biol. Evol.* **10** (3): 512-526.
- TAYLOR, G.R. 1991. Polymerase chain reaction: basic principles and automation. En: *PCR. A practical approach*. M.J. McPherson, P. Quirke y G.R. Taylor, Eds. IRL Press, New York. p. 1-14.
- TAYLOR, P.G. 1996. Reproducibility of Ancient DNA sequences from extinct Pleistocene fauna. *Mol. Biol. Evol.* **13** (1): 283-285.
- TAYLOR, R.W., G.A. TAYLOR, C.M. MORRIS, J.M. EDWARDSON y D.M. TURNBULL. 1998. Diagnosis of mitochondrial disease: assessment of mitochondrial DNA heteroplasmy in blood. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. **251** (3): 883-887.
- TEBBE, C.C. y W. VAHJEN. 1993. Interference of humic acids and DNA extracted directly from soil in detection and transformation of recombinant DNA from bacteria and yeast. *App. Environ. Microbiol.* **59** (8): 2657-2665.
- TEMPLETON, A.R. 1991. Humans origins and analysis of mitochondrial DNA sequences. *Science*. **255**: 737.
- TEMPLETON, A.R. 1993. The "Eve" hypotheses: a genetic critique and reanalysis. *American Anthropologist*. **95** (1): 51-72.
- TEMPLETON, A.R. 1994. "Eve": Hypothesis compatibility versus hypothesis testing. *American Anthropologist*. **96** (1): 141-147.
- THOMAS, R.H., W. SCHAFFNER, A.C. WILSON y S. PÄÄBO. 1989. DNA phylogeny of the extinct marsupial wolf. *Nature*. **340**: 465-467.
- THOMAS, W.K., S. PÄÄBO, F.X. VILLABLANCA y A.C. WILSON. 1990. Spatial and temporal continuity of kangaroo rat populations shown by sequencing mitochondrial DNA from museum specimens. *J. Mol. Evol.* **31**: 101-112.
- THORNE, A.G. y M.H. WOLPOFF. 1992. The multiregional evolution of Humans. *Scientific American*. **April**: 76-83.
- THUESEN, I. y J. ENGBERG. 1990. Recovery and analysis of human genetic material from mummified tissue and bone. *Journal of Archaeological Science*. **17**: 679-689.
- TIKOCZINSKI, Y., U. RITTE, S.R. GROSS, E.M. PRAGER y A.C. WILSON. 1991. mtDNA polymorphism in two communities of Jews. *Am. J. Hum. Genet.* **48**: 129-136.
- TISHKOFF, S.A., E. DIETZSCH, W. SPEED, A.J. PAKSTIS, J.R. KIDD, K. CHEUNG, B. BONNÉ-TAMIR, A.S. SANTACHIARA-BENERECETTI, P. MORAL, M. KRINGS, S. PÄÄBO, E. WATSON, N. RISCH, T. JENKINS y K.K. KIDD. 1996. Global patterns of linkage disequilibrium at the CD4 locus and modern human origins. *Science*. **271**: 1380-1387.
- TORRONI, A., T.G. SCHURR, C.C. YANG, E.J.E. SZATHMARY, R.C. WILLIAMS, M.S. SCHANFIELD, G.A. TROUP, W.C. KNOWLER, D.N. LAWRENCE, K.M. WEISS y D.C. WALLACE. 1992. Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations. *Genetics*. **130**: 153-162.

-
- TORRONI, A., J.V. NEEL, R. BARRANTES, T.G. SCHURR y D.C. WALLACE. 1994a. Mitochondrial DNA "clock" for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **91**: 1158-1162.
- TORRONI, A., M.T. LOTT, M.F. CABELL, Y.S. CHEN, L. LAVERGNE y D.C. WALLACE. 1994b. mtDNA and the origin of Caucasians: identification of ancient Caucasian-specific haplogroups, one of which is prone to a recurrent somatic duplication in the D-Loop region. *Am. J. Hum. Genet.* **55**: 760-776.
- TORRONI, A., Y.S. CHEN, O. SEMINO, A.S. SANTACHIARA-BENERECETTI, C.R. SCOTT, M.T. LOTT, M. WINTER y D.C. WALLACE. 1994c. mtDNA and Y-Chromosome polymorphisms in four native American populations from southern Mexico. *Am. J. Hum. Genet.* **54**: 303-318.
- TORRONI, A., J.A. MILLER, L.G. MOORE, S. ZAMUDIO, J. ZHUANG, T. DROMA y D.C. WALLACE. 1994d. Mitochondrial DNA analysis in Tibet: implications for the origin of the Tibetan population and its adaptation to high altitude. *Am. J. Phys. Anthropol.* **93**: 189-199.
- TORRONI, A., K. HUOPONEN, P. FRANCALACCI, M. PETROZZI, L. MORELLI, R. SCOZZARI, D. OBINU, M.-L. SAVONTAUS y D.C. WALLACE. 1996. Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics*. **144**: 1835-1850.
- TORRONI, A., L. D'URBANO, C. RENGO, R. SCOZZARI, M. SBRACIA, C. MANNA, C. CAVAZZINI y D. SELBITTO. 1998a. Intracytoplasmic injection of spermatozoa does not appear to alter the mode of mitochondrial DNA inheritance. *Hum. Reprod.* **13** (6): 1747-1749.
- TORRONI, A., H.-J. BANDELT, L. D'URBANO, P. LAHERMO, P. MORAL, D. SELBITTO, C. RENGO, P. FORSTER, M.-L. SAVONTAUS, B. BONNÉ-TAMIR y R. SCOZZARI. 1998b. mtDNA analysis reveals a major late Paleolithic population expansion from southwestern to northeastern Europe. *Am. J. Hum. Genet.* **62**: 1137-1152.
- TORRONI, A., M. RICHARDS, V. MACAULAY, P. FORSTER, R. VILLEMS, S. NØRBY, M.-S. SAVONTAUS, K. HUOPONEN, R. SCOZZARI y H.-J. BANDELT. 2000. mtDNA haplogroups and frequency patterns in Europe. *Am. J. Hum. Genet.* **66**: 1173-1177.
- TSAI, Y.-L. y B.H. OLSON. 1992. Rapid method for separation of bacterial DNA from humic substances in sediments for polymerase chain reaction. *App. Environ. Microbiol.* **58**: 2292-2295.
- TUROSS, N. 1993. The other molecules in ancient bone: noncollagenous proteins and DNA. En: *Prehistoric human bone. Archaeology at the molecular level*. J.L. Lambert y G. Grupe, Eds. Springer-Verlag, Berlin. p. 275-292.
- TUROSS, N. 1994. The biochemistry of ancient DNA in bone. *Experientia*. **50**: 530-535.
- Van der KUYL, A.C., C.L. KUIKEN, J.T. DEKKER, W.R.K. PERIZONIUS y J. GOUDSMIT. 1995. Nuclear counterparts of the cytoplasmic mitochondrial 12S rRNA gene: a problem of ancient DNA and molecular phylogenies. *J. Mol. Evol.* **40**: 652-657.
- VARGAS, S.R. 1989. Material genético de restos óseos humanos. Estudios moleculares en tejidos antiguos. *Información Científica y Tecnológica*. **11**: 19-21.
- VENANZI, F.M. y F. ROLLO. 1990. Mummy RNA lasts longer. *Nature*. **343**: 25-26.
- VIGILANT, L., R. PENNINGTON, H. HARPENDING, T.D. KOCHER y A.C. WILSON. 1989. Mitochondrial DNA sequences in single hairs from a southern African population. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **86**: 9350-9354.
- VIGILANT, L., M. STONEKING, H. HARPENDING, K. HAWKES y A.C. WILSON. 1991. African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science*. **253** (5027): 1503-1507.
- VOET, D. y J.G. VOET. 1992. Bioquímica. Ediciones Omega, Barcelona. 1315 pp.
- Von HAESLER, A., A. SAJANTILA y S. PÄÄBO. 1995. The genetical archaeology of the human genome. *Nature Genetics*. **14**: 135-140.
- WAITE, E.R., A.M. CHILD, O.E. CRAIG, M.J. COLLINS, K. GELSTHORPE y T.A. BROWN. 1997. A preliminary investigation of DNA stability in bone during artificial diagenesis. *Bull. Soc. Geol. France*. **168** (5): 547-554.
- WAKELEY, J. 1993. Substitution rate variation among sites in hypervariable region 1 of human mitochondrial DNA. *J. Mol. Evol.* **37**: 613-623.
- WALDEN, K.K.O. y H.M. ROBERTSON. 1997. Ancient DNA from amber fossil bees? *Mol. Biol. Evol.* **14** (10): 1075-1077.
- WALDER, R.Y., J.R. HAYES y J.A. WALDER. 1993. Use of PCR primers containing a 3'-terminal ribose residue to prevent cross-contamination of amplified sequences. *Nucleic Acids Res.* **21** (18): 4339-4343.
- WALLACE, D.C. 1994. Mitochondrial DNA sequence variation in human evolution and disease. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **91** (19): 8739-8746.

-
- WALLACE, D.C., K. GARRISON y W.C. KNOWLER. 1985. Dramatic founder effects in Amerindian mitochondrial DNAs. *Am. J. Phys. Anthropol.* **68**: 149-155.
- WALLACE, D.C. y A. TORRONI. 1992. American Indian prehistory as written in the mitochondrial DNA: a review. *Hum. Biol.* **64** (3): 403-416.
- WARD, E.S., D. GÜSSOW, A.D. GRIFFITHS, P.T. JONES y G. WINTER. 1989. Binding activities of a repertoire of single immunoglobulin variable domains secreted from *Escherichia coli*. *Nature.* **341**: 544-546.
- WATSON, E., K. BAUER, R. AMAN, G. WEISS, A. von HAESSELER y S. PÄÄBO. 1996. mtDNA sequence diversity in Africa. *Am. J. Hum. Genet.* **59**: 437-444.
- WATSON, E., P. FORSTER, M. RICHARDS y H.-J. BANDEL. 1997. Mitochondrial footprints of human expansion in Africa. *Am. J. Hum. Genet.* **61**: 691-704.
- WATTEERSON, G.A. y P. DONNELLY. 1992. Do Eve's alleles live on? *Genet. Res. Camb.* **60**: 221-234.
- WEISS, G. y A. von HAESSELER. 1998. Inference of population history using a likelihood approach. *Genetics.* **149** (3): 1539-1546.
- WHITTAM, T.S., A.G. CLARK, M. STONEKING, R.L. CANN y A.C. WILSON. 1986. Allelic variation in human mitochondrial genes based on patterns of restriction site polymorphism. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **83**: 9611-9615.
- WHITTLE, A. 1996. Europe in the Neolithic: The creation of new worlds. Cambridge University Press, Cambridge. 443 pp.
- WILLIAMS, N. 1995. Ancient DNA. The trials and tribulations of cracking the prehistoric code. *Science.* **269**: 923-924.
- WILSON, A.C., M. STONEKING, R.L. CANN, E.M. PRAGER, S.D. FERRIS, L.A. WRISCHNIK y R.G. HIGUCHI. 1987. Mitochondrial clans and the age of our common mother. En: *Human Genetics. Proceedings of the 7th International Congress, Berlin 1986*. F. Vogel y K. Sperling, Eds. Springer, Berlin Heidelberg New York. p. 158-164.
- WONDRAK, G., T. PIER y R. TRESSL. 1995. Light from Maillard reaction: photon counting, emission spectrum, photography and visual perception. *J. Biolumin. Chemilumin.* **10** (5): 277-284.
- WOODWARD, S.R. 1995. Detecting dinosaur DNA. *Science.* **268**: 1194.
- WOODWARD, S.R., M.J. KING, N.M. CHIU, M.J. KUCHAR y C.W. GRIGGS. 1994a. Amplification of ancient nuclear DNA from teeth and soft tissues. *PCR Meth. and Appl.* **3**: 244-247.
- WOODWARD, S.R., N.J. WEYAND y M. BUNNELL. 1994b. DNA sequence from Cretaceous period bone fragments. *Science.* **266**: 1229-1232.
- YAKES, F.M. y B. van HOUTEN. 1997. Mitochondrial DNA damage is more extensive and persists longer than nuclear DNA damage in human cells following oxidative stress. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **94** (2): 514-519.
- YAMAMOTO, T., R. UCHILHI, T. KOJIMA, H. NOZAWA, X.-L. HUANG, K. TAMAKI y Y. KATSUMATA. 1998. Maternal identification from skeletal remains of an infant kept by the alleged mother for 16 years with DNA typing. *J. Forensic. Sci.* **43** (3): 701-705.
- YANG, H. 1997. Ancient DNA from Pleistocene fossils: preservation, recovery, and utility of ancient genetic information for Quaternary research. *Quaternary Science Reviews.* **16** (10): 1145-1161.
- YANG, H., E.M. GOLENBERG y J. SHOSHANI. 1996. Phylogenetic resolution within the Elephantidae using fossil DNA sequence from the American mastodon (*Mammuth americanum*) as an outgroup. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **93**: 1190-1194.
- YANG, H., E.M. GOLENBERG y J. SHOSHANI. 1997. Proboscidean DNA from museum and fossil specimens: an assessment of ancient DNA extraction and amplification techniques. *Biochem. Genet.* **35** (5/6): 165-179.
- ZHANG, L., X. CUI, K. SCHMITT, R. HUBERT, W. NAVIDI y N. ARNHEIM. 1992. Whole genome amplification from a single cell: implications for genetic analysis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **89**: 5847-5851.
- ZIERDT, H., S. HUMMEL y B. HERRMANN. 1996. Amplification of human short tandem repeats from medieval teeth and bone samples. *Hum. Biol.* **68** (2): 185-199.
- ZISCHLER, H., H. GEISERT, A. von HAESSELER y S. PÄÄBO. 1995a. A nuclear 'fossil' of the mitochondrial D-loop and the origin of modern humans. *Nature.* **378**: 489-492.
- ZISCHLER, H., M. HÖSS, O. HANDT, A. von HAESSELER, A.C. van der KUYL, J. GOUDSMIT y S. PÄÄBO. 1995b. Detecting dinosaur DNA. *Science.* **268**: 1192-1193.

APÉNDICE

Abreviaturas

A	Adenina
G	Guanina
C	Citosina
T	Timina
U	Uracilo
A.F.	Almacenamiento frío
Asp	Ácido aspártico
BSA	Albúmina de suero bovino
CRS	Secuencia de referencia de Cambridge
DNA	Ácido desoxirribonucleico
mtDNA	DNA mitocondrial
aDNA	DNA antiguo
dsDNA	DNA de doble cadena
ssDNA	DNA de cadena sencilla
ddNTP	Trifosfato de didesoxinucleótido
dNTP	Trifosfato de desoxinucleótido
DTT	Ditiotreitol
EDTA	Ácido etilendiaminotetraacético
HAM	Hombre anatómicamente moderno
HPLC	Cromatografía líquida de alta resolución
kb	Kilobases
Leu	Leucina
Lys	Lisina
ng	Nanogramos
N-J	Neighbor-Joining
nm	Nanómetros
pb	Par de bases, pares de bases
Pol I	DNA polimerasa I
RNA	Ácido ribonucleico
rpm	Revoluciones por minuto
sitios AP	Sitiosapurínicos/apirimidínicos
T-N	Tamura-Nei
Tris	Hidroximetil aminometano

UPGMA
UV

Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages
Ultravioleta

FE DE ERRATAS

FE DE ERRATAS

Página 185

Donde dice:

- Poner una alícuota de aceite de parafina ligera (Serva) en un microtubo para exposición a luz UV (254nm) a 2 cm de la fuente de luz y en posición vertical.

Debe decir:

- Poner una alícuota de aceite de parafina ligera (Serva) en un microtubo para exposición a luz UV (254nm) a 2 cm de la fuente de luz y en posición horizontal.

Página 186

Donde dice:

- Después de cerrar el tubo, se agita unos segundos con vórtice a baja velocidad y se irradia con luz UV (254nm) colocando el tubo a 2 cm de la fuente de luz y en posición vertical durante 8 min. y 45 seg.

Debe decir:

- Después de cerrar el tubo, se agita unos segundos con vórtice a baja velocidad y se irradia con luz UV (254nm) colocando el tubo a 2 cm de la fuente de luz y en posición horizontal durante 8 min. y 45 seg.

Página 202

Donde dice:

Asumiendo que la correspondencia secuencia – haplogrupo se cumple en cerca del 100% de los casos tenemos que

$$\Phi(Y_R \neq G \mid X_R \neq T) = \Phi(Y_R \neq G) = \Phi(X_R \neq T)$$

por lo que

Debe decir:

Asumiendo que la correspondencia secuencia – haplogrupo se cumple en cerca del 100% de los casos tenemos que

$$\Omega(Y_R \neq G \mid X_R \neq T) = \Omega(Y_R \neq G) = \Omega(X_R \neq T)$$

siendo Ω el conjunto de sucesos posibles, por lo que

Página 221

Donde dice:

Con este método se investiga una clase de modelo de expansión en el que una población en equilibrio comienza a crecer o a decrecer exponencialmente desde un cierto tiempo t_0 en el pasado hasta el tamaño actual de la población. Este modelo está definido por tres parámetros: N_0 es el parámetro de la población en equilibrio en el pasado (proporcional al tamaño que tenía la población); t_0 es el tiempo en el que el tamaño poblacional comenzó a cambiar (medido en unidades de $1/\mu$); y r define la razón entre el tamaño actual y el tamaño inicial de la población. Si $r > 1$ la población se ha expandido, si $r < 1$ la población ha reducido su tamaño. Si r se iguala a 1, se obtiene el modelo básico de tamaño constante como un caso especial del modelo de expansión; en cuyo caso el parámetro t_0 queda sin especificar.

Debe decir:

Con este método se investiga una clase de modelo de expansión en el que una población en equilibrio comienza a crecer o a decrecer exponencialmente desde un cierto tiempo t_0 en el pasado hasta el tamaño actual de la población. Este modelo está definido por tres parámetros: N_0 es el parámetro de la población en equilibrio en el pasado (proporcional al tamaño que tenía la población); t_0 es el tiempo en el que el tamaño poblacional comenzó a cambiar (medido en unidades de $1/\mu$); y r define la razón entre el tamaño actual y el tamaño inicial de la población. Si $r > 1$ la población se ha expandido, si $r < 1$ la población ha reducido

su tamaño. Si μ se iguala a 1, se obtiene el modelo básico de tamaño constante como un caso especial del modelo de expansión; en cuyo caso el parámetro μ queda sin especificar.

Donde dice:

Si se asume que se conoce el proceso de mutación (en este caso se asume el modelo de Tamura-Nei), la evolución de una muestra de secuencias estará completamente caracterizada por los tres parámetros μ , ν y ρ .

Debe decir:

Si se asume que se conoce el proceso de mutación (en este caso se asume el modelo de Tamura-Nei), la evolución de una muestra de secuencias estará completamente caracterizada por los tres parámetros μ , ν y ρ .

Página 222

Donde dice:

El conjunto de parámetros que maximice la verosimilitud $L(_, _, _ | k, s)$ define la historia poblacional más probable dentro de la clase de modelo analizado (crecimiento, reducción o equilibrio). Para jerarquizar la plausibilidad de un conjunto de parámetros $(_, _, _)$ se utiliza la razón de verosimilitud $L(_, _, _ | k, s) / L_A$, donde L_A es el valor máximo verosímil dentro de la clase de historia poblacional considerada. Si se analizan distintas clases de historias poblacionales se jerarquizan los conjuntos de parámetros con la razón $L(_, _, _ | k, s) / L_A^{pop}$ donde L_A^{pop} es el valor máximo verosímil de todas las clases de historias analizadas y corresponde a la historia demográfica más probable de la población en estudio.

Debe decir:

El conjunto de parámetros que maximice la verosimilitud $L(_, _, _ | k, s)$ define la historia poblacional más probable dentro de la clase de modelo analizado (crecimiento, reducción o equilibrio). Para jerarquizar la plausibilidad de un conjunto de parámetros $(_, _, _)$ se utiliza la razón de verosimilitud $L(_, _, _ | k, s) / L_A$, donde L_A es el valor máximo verosímil dentro de la clase de historia poblacional considerada. Si se analizan distintas clases de historias poblacionales se jerarquizan los conjuntos de parámetros con la razón

$L(_,_,_|k,s)/L_A^{pop}$ donde L_A^{pop} es el valor máximo verosímil de todas las clases de historias analizadas y corresponde a la historia demográfica más probable de la población en estudio.

Donde dice:

El valor aproximado de la verosimilitud $L(_,_,_|k,s)$ para un conjunto de datos real con media de diferencias por parejas k y s posiciones variables se basa en $j = 1, \dots, B$ simulaciones utilizando en cada una de ellas los mismos parámetros especificados $(_,_,_)$.

Debe decir:

El valor aproximado de la verosimilitud $L(_,_,_|k,s)$ para un conjunto de datos real con media de diferencias por parejas k y s posiciones variables se basa en $j = 1, \dots, B$ simulaciones utilizando en cada una de ellas los mismos parámetros especificados $(_,_,_)$.

Página 347

Donde dice:

Para los datos de la población Catalana actual, se realizó un análisis exhaustivo mediante cuatro paneles correspondientes a valores de $_$ de 1,000, 10,000, 100,000 y 1,000,000 con $B = 25,000$ (Fig. R-20). Cada panel fue compuesto con 10 valores de $_$ (de 0.5 a 5) y 10 valores de $_$ (de 1 a 10), analizando así 100 combinaciones de parámetros distintas. El valor máximo verosímil (L_A^{pop}), que define la historia poblacional más probable de la población Catalana actual, fue obtenido con los parámetros $_ = 2.5$, $_ = 1$ y $_ = 10,000$.

Debe decir:

Para los datos de la población Catalana actual, se realizó un análisis exhaustivo mediante cuatro paneles correspondientes a valores de $_$ de 1,000, 10,000, 100,000 y 1,000,000 con $B = 25,000$ (Fig. R-20). Cada panel fue compuesto con 10 valores de $_$ (de 0.5 a 5) y 10 valores de $_$ (de 1 a 10), analizando así 100 combinaciones de parámetros distintas. El valor máximo verosímil (L_A^{pop}), que define la historia poblacional más probable de la población Catalana actual, fue obtenido con los parámetros $_ = 2.5$, $_ = 1$ y $_ = 10,000$.

Donde dice:

la Figura R-20 se muestra una representación gráfica de los valores de la razón de verosimilitud $lik(\underline{\tau}_0, \underline{\tau}_0, \tau_0 | k, s) / L_A^{pop}$ obtenidos con cada combinación de parámetros.

Debe decir:

la Figura R-20 se muestra una representación gráfica de los valores de la razón de verosimilitud $lik(\underline{\tau}_0, \underline{\tau}_0, \tau_0 | k, s) / L_A^{pop}$ obtenidos con cada combinación de parámetros.

En el pie de la Figura R-20, donde dice:

La combinación de parámetros $\tau_0 = 2.5$, $\tau_0 = 1$ y $\tau_0 = 10,000$ dio el valor más alto.

Debe decir:

La combinación de parámetros $\tau_0 = 2.5$, $\tau_0 = 1$ y $\tau_0 = 10,000$ dio el valor más alto.

Donde dice:

Los valores máximo verosímiles que definen la historia de la población Vasca, estimados por Weiss y von Haeseler (1998), son $\tau_0 = 2.25$, $\tau_0 = 1$ y $\tau_0 = 100$. Estos resultados nos indican que el tiempo en el que se expandieron ambas poblaciones (determinados por el valor de τ_0) fue similar, siendo quizá un poco más antiguo para la población Catalana. Asimismo, este resultado sugiere que el tamaño inicial de las dos poblaciones (determinado por el valor de τ_0) era prácticamente idéntico. Por lo tanto, la principal diferencia entre la historia demográfica de las dos poblaciones radica en sus respectivos valores de τ_0 ; siendo cien veces mayor para la población de Cataluña.

Debe decir:

Los valores máximo verosímiles que definen la historia de la población Vasca, estimados por Weiss y von Haeseler (1998), son $\tau_0 = 2.25$, $\tau_0 = 1$ y $\tau_0 = 100$. Estos resultados nos indican que el tiempo en el que se expandieron ambas poblaciones (determinados por el valor de τ_0) fue similar, siendo quizá un poco más antiguo para la población Catalana.

Asimismo, este resultado sugiere que el tamaño inicial de las dos poblaciones (determinado por el valor de μ) era prácticamente idéntico. Por lo tanto, la principal diferencia entre la historia demográfica de las dos poblaciones radica en sus respectivos valores de σ ; siendo cien veces mayor para la población de Cataluña.

Página 349

Donde dice:

verosimilitud más alto en la población Catalana se obtuvo en el panel de $\mu = 100,000$ y el tercer valor más alto en el de $\mu = 1,000,000$; por lo que la probabilidad de que exista un valor verosímil mayor en un conjunto de parámetros con σ entre 10,000 y 100,000, es mayor que la probabilidad de que exista en un conjunto con σ entre 1,000 y 10,000.

Debe decir:

verosimilitud más alto en la población Catalana se obtuvo en el panel de $\mu = 100,000$ y el tercer valor más alto en el de $\mu = 1,000,000$; por lo que la probabilidad de que exista un valor verosímil mayor en un conjunto de parámetros con σ entre 10,000 y 100,000, es mayor que la probabilidad de que exista en un conjunto con σ entre 1,000 y 10,000.

Donde dice:

El sondeo que realizamos con los datos de la población Toscana nos indica que los parámetros máximo verosímiles que definen su historia se encuentran alrededor de $\mu = 3.5$, $\sigma = 1$ y $\tau = 1,000$.

Debe decir:

El sondeo que realizamos con los datos de la población Toscana nos indica que los parámetros máximo verosímiles que definen su historia se encuentran alrededor de $\mu = 3.5$, $\sigma = 1$ y $\tau = 1,000$.

Página 356

En el pie de la Figura R-23, donde dice:

Árboles filogenéticos construidos con el método de N-J a partir de la matriz de distancias de Tamura-Nei, para los fragmentos de 360 (izquierda) y 153pb (derecha) de la población TOS.

Debe decir:

Árboles filogenéticos construidos con el método de N-J a partir de la matriz de distancias de Tamura-Nei, para los fragmentos de 153 (izquierda) y 360pb (derecha) de la población TOS.

Página 360

En el pie de la Figura R-25, donde dice:

Árboles filogenéticos construidos con el método de N-J a partir de la matriz de distancias de Tamura-Nei, para los fragmentos de 360 (izquierda) y 153pb (derecha) de la población GALU.

Debe decir:

Árboles filogenéticos construidos con el método de N-J a partir de la matriz de distancias de Tamura-Nei, para los fragmentos de 153 (izquierda) y 360pb (derecha) de la población GALU.